



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7
㉔ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 28. 10. 99

㉖ Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

㉚ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉛ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉜ Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

㉝ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal

㉞ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626	
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0182				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0090				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				

In analoger Verfahrungsweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0128	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0333	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herr-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144	69.2517	15
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	25
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	65
Uterus_n	0.0167	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0125				40
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				45
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				60
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				65
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duenn darm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.1014
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1293
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0624

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ, ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0426				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0249	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0309	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0208	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526 0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830 1.0173	
Duenndarm	0.0215	0.0662	0.3244 3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731 1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144 1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507 2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597 6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169 1.6210	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122 0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983 5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479 1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707 5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741 2.6732	
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074 1.1021	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.4183			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0185	45
Placenta	0.0242	
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.1376
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0442
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024	
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	15
Magen-Speiserohre	0.0870	0.0153	5.6724	0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	
Penis	0.0419	0.0800	0.5241	1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0106				30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	60
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0333	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
20	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0142	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_r	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	20
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	25
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901	
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0410	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	15
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	20
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	25
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				35
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	40
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	45
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	50
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	55
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	60
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0000	65
Foetal	0.0116	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0456	70
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	75
Nerven	0.0221	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	80
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
10	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Sanerblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Elutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

56

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0039						40
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						55
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0032						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0020						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Elulkoeperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefreesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				65
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus n	0.0042				

Elektronischer Northern für SEO. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

	FOETUS
35	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefasse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0077						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894	5
Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818	
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379	
Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647	15
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef	
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265	
Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				35
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	45
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	50
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	65
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				35
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	45
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	50
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	60
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	20
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	60
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0458	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn	0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0201	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0386
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0697
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	25
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	40
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	45
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	50
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0116	60
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0208	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0175
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0389
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0251
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035 0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638 0.7912	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970 2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999 1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176 3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084 3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934 0.5905	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856 3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samerblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Elutkoerperchen	0.0113			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0247	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				65
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.2762

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	10
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0816				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0340				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0667				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointensteinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0083				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N		
	Blase	0.0819	0.0383	2.1356 0.4682	5	
	Brust	0.0473	0.0320	1.4811 0.6752		
	Duendarm	0.0460	0.0331	1.3903 0.7193		
	Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190 0.8204		
	Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576 1.3199		
	Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984 0.1725	10	
	Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557 0.8653		
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881 1.0121		
	Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000		
	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882 1.7000		
	Herz	0.0382	0.0825	0.4626 2.1618	15	
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775		
	Lunge	0.0384	0.0184	2.0886 0.4788		
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805 0.9255		
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416 0.4669		
	Niere	0.0489	0.0479	1.0196 0.9808	20	
	Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986 2.0057		
	Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000		
	Prostata	0.0610	0.0617	0.9883 1.0118		
	Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef 0.0000		
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000		
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	25	
	Brust-Hyperplasie	0.2206				
	Prostata-Hyperplasie	0.0773				
	Samenblase	0.0089				
	Sinnesorgane	0.0353				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0737			30	
	Zervix	0.0319				
	FOETUS					
		%Haeufigkeit			35	
	Entwicklung	0.0278				
	Gastrointestinal	0.0361				
	Gehirn	0.0125				
	Haematopoetisch	0.0157				
	Haut	0.0000			40	
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefuesse	0.0818				
	Lunge	0.0325				
	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0432			45	
	Placenta	0.0303				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
		%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340				
	Eierstock_n	0.1595				
	Eierstock_t	0.0101				
	Endokrines_Gewebe	0.0490			55	
	Foetal	0.0233				
	Gastrointestinal	0.0488				
	Haematopoetisch	0.0285				
	Haut-Muskel	0.0227				
	Hoden	0.0154			60	
	Lunge	0.0164				
	Nerven	0.0261				
	Prostata	0.1163				
	Sinnesorgane	0.0929				
	Uterus_n	0.0416			65	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	20
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestenstinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefafaesse	0.0142				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0083				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272 0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208 0.9796	
Duennndarm	0.0245	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863 0.3723	10
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415 1.0622	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983 1.2526	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151 3.1733	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994 5.0142	
Penis	0.0629	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398 1.5631	25
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891 0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			30
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Eluekkoerperchen	0.0191			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	45
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0076	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	60
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0749	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0210
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				65

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C' aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C' wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C' in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H₀ Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while C_i > C_{i-1}; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1984	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-I (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.sativus mRNA for lipoxygenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog	270	560	
56	97.54	unbekannt	149	851	
57	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98.22	unbekannt	218	268	
59	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97.54	unbekannt	219	1389	
61	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97.54	unbekannt	205	681	
63	99.06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
64	97.54	unbekannt	226	226	
65	99.03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chickens pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron unbekannt	139	151	
69	100		226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A. Vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	188	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone C1T987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone C1T987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiating inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B. taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	
31	149	40
	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	35	162
		163
	36	164
10		165
		166
	37	167
15	38	168
	39	169
		170
20		171
	40	172
		173
25		174
	41	175
		176
30		177
	42	178
		179
35		180
	43	181
	44	182
		183
40		184
	45	185
		186
45		187
	46	188
		189
50		190
	47	191
		192
55		193
	48	194
		195
60		196
	49	197

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	
	223	45
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

65

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
60	79	267
	80	268
		269

65

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
	293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5		306
	94	307
	95	308
10		309
		310
	96	311
15		312
	97	313
		314
20		315
	98	316
		317
25		318
	99	319
	100	320
		321
30	101	322
	102	323
		324
35		325
	103	326
		327
40		328
	104	329
		330
45		331
	105	332
		333
50	106	334
		335
		336
55	107	337
		338
		339
60	108	340
		341

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	35
116	361	
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
122	378
123	379
	380
	381
124	382
	383
	384
125	385
	386
	387
126	388
127	389
	390

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cggtgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
 atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcac tagtttattc 120
 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180
 taagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tgggaagatga 240
 aagagttgta gggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
 cttagaatct tctgcaaaa caaaaataaa tgtaaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
 gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcac catgtcagct 420
 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggct tgaagaactg ttgcccaatt 480
 caacagtgcc agcattccaa ctttgtaaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
 ggtggtaccc ttaagaggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacacat tctaactcact 600
 ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagttg cagctggtta 660
 aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgtgtgac 720
 atgtalgaat atggtgtact gtatacttta acatgcccc tactttgtat tggagagtac 780
 aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840
 cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
 ttttaagaaa ttcaagggtca ttattattgt acaaaaataa cgctttgatt aacacagcta 960
 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacggtg atcttgtctt taaaacatga 1020
 tagtcttttc agtataatgt ctttagattaa agacgttgcc ttttaatatct gttgggaagg 1080
 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttggtt acatagggaa 1140
 caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaac 1200
 attltttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
 tcaactgtgaa tcctttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt 1320
 ttagtatttt tgctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa 1380
 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat tttaatcata tgaattggt 1440
 cacaaggcct aatttgacgt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
 atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acaggagacc acagtattta 1560
 aattgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta 1620
 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattggca 1680
 tgcaagggct tgcatataa aaaaaaaca aaaaaaaaaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggtctgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggcg ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggtctgcaca cgacttcctcc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tottgaggaa gtgtctgagca gcagggactg tcaccttgcc ctgccgttcc 180
ctcccggtt ccattccccc ccggggccca attaccatc ctccctgccc gatcagatgc 240
agccgcaagt ccgcgcgtc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcaaccca cacaggtag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcgacca cctgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcatcttg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaatgcc aaggggtgac tggaagtgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttgggggagg gaagaccaga attccottga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagccta at gatggtgtt gtgagcttg tcttaaagg cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

gcgaacccgc gcgctgcccg gtectgcgct gccagcggg aggggctgga ccccgcttc 60
 ctctccctg ccggtcccc tccttaaagc gagagtctgg acgccccgc tgtgggagag 120
 agcgcggga tccggacggg gagcaaccg gccagggcgt gccggtgag gaggtcctga 180
 ggctacagag ctgcgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgagg 240
 ggctgtgagg ggaggcccc gggcgccatt gctggcgggt ggagcgcgc ccggtctcag 300
 ccgcccctcg gctgctctcc tctccgggt gggaggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360
 gccccggccc gggctcgaga atcaaggcc tcggccgcgc tccgcagct cagtccatcg 420
 cccttgccgg gcagcccggg cagagaccat gtttgaaca acgcggtgc cgtacgtggc 480
 cctcgatgtg ctctgcgtgt tgcgtggttg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
 taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaaga 600
 agacaccata ccttatcggt tattaggttg aataatcatt ccatcagta ttatcgttat 660
 tattcttgga gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
 gaataactac atagccacta tttaaaaagc catttgaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
 tagtcagtc ctgactgaca ttgcaagta ttcaataggg agactgcggc ctcacttctt 840
 ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
 catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
 ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaal1020
 gggagactgg gcaagactct tacgcccac actgcaattt ggtcttggtt ccgtatccat1080
 ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
 actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal1200
 agaaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaa1260
 accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgcc1320
 aggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcatc1380
 tttcttctcg ggtgtacaag cccttttaaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgg1440
 atgcacagtt gtgtgtaaca gatttacctt aactcgtg 1478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggccccgc gatgtttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgctc caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcattggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtc attgccttct t 411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag tttcacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttaa ttattttttt aaacaatat cacaataatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattt aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttgtg aagaggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tctttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcatctttta aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaatg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggatgg ggggtggggg tgggaactaaa ggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggagaaaa ctaaaactaca atccttggtt cagatttgat 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttgga 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```

DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggotttatag gctccttgca gaacccactt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtt taacaaacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag ttccacagtt1200
tcgttatgct ctattttatt actatcatat ttacattttt attttttatt tattttttgc1260
tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgtgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct tttagccaggc agcattcagc agaattttt cacaacactg1560
ctggatggtg cgtcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaaata ataaatataa1740
tgtcgcaggc ccccaatata atagtagtag gggga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

cgggtggggt ggggacagg ggggacagt ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaac ccagtoggct tgtcttgca gcattccgc 120
tcccttccct ccatagccac gtcctaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaaggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300
ggcggaagt gagagccagc agcaaaaaact acattttgca acttgttgggt gtggatctat 360
tggtgatct atgcctttca actagaaaat tctaagtatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaagggtc agcccagaaa gtgataagtg caggaggagg aagtgcaggt ccattatgta 540
atagtgcagc caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgcccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaccaca gtgagcctga gagagcggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
agcaaattgc tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattctc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg tctcctgatcc1020
gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tectgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

```

taacaccccc tagcaaaaact cacagagcgtt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttccttttgaa cttgattggc tatggatcaa agaztttcag aatggcctgc ctgtccccc1260
gcacttttta catatatattg ttccattttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagagtt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caactttacc cttcttgtcc aatgtacagg aagtgttct aaaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccc aagccggatt cttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctgggcc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggtgttaa agtggccccc1620
10 tgcgcccta gcctgaccog gaggaaggga tggtagattc tgtaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cactttttt gtggggtct ctctgacct1800
tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttggatg attaaaaaat1860
gtgtatata attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagtctgg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatac gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacaga2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcaactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggg ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtctctgga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttgggtacc tgtgggttag catcaagttc tcccagggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcattt ggatgtgtaa attacagtaa tcccatctcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataact catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tgcccgttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaata gctttgaata3000
ctgtgaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgtt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattcccgt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a

```

3181

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1964 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

gcaacatgtc	tgccaccaac	attggcattc	ctcacacgca	gagattgcaa	gggcaaattgc	60	
cagtgaaggg	gcacatttcc	atcgcgtcca	agtctgcgcc	actgccctct	gcggctgctc	120	5
accagcagca	gctgtatggc	cgtagcccat	cggcagttgc	catgcaggct	ggccctcgcg	180	
cactggctgt	tcagcgtggc	atgaacatgg	gggttaattc	gatgcctact	ccgcctata	240	
atgtcaattc	catgaatatg	aacaccttga	atgccatgaa	cagctatcga	atgacacagc	300	
ccatgatgaa	cagcagttac	catagtaacc	ctgcctacat	gaaccagaca	gcacagtatc	360	10
ctatgcagat	gcagatggga	atgatgggga	gccaggccta	taccagcag	cctatgcage	420	
ctaacctca	tgggaacatg	atgtacacag	gcccctccca	tcacagctac	atgaacgctg	480	
ctggcgtgcc	caagcagtca	ctcaacggac	cttacatgag	aagatgagca	agatgaactt	540	
gcaatcaaaa	acttaaatat	atataaataa	aggaaccttt	tatactgaca	aaccagagaa	600	
aaatggacct	ttttccagtt	aaaatatgtc	tgtagattta	gaggaatttt	tctttgggtt	660	15
attttatttt	ttagaaaacc	tgatcttctc	tttttttggg	ttcattttgt	tctgggtttt	720	
ggttttcttc	acaatcttga	acatttttaca	gtagaactca	tctaaaaatg	gatttgggga	780	
tggggaaaca	tgcacaaaat	cttttcataa	ttaaaaagag	ccttactttc	tttacatacc	840	
acatggacag	aatttgtgta	aaagtgaatt	atctttattt	taaaatgtat	gtttcccttc	900	
actgtttgca	gctccaatg	ttgtcatttt	taaatgttat	atacatctca	agggttaacc	960	20
agaccctttc	ctccaaaccc	aacctttcat	ttcctacttc	attccagcag	gaggcactta	1020	
ggggagactc	ggatggggac	atggagaaca	acccaagctc	cttaaaactat	taaagtgagg	1080	
caggaataatg	cttctccttt	taaaatcccc	tccactcctc	acacacacac	acctcttgaa	1140	
acccttcccc	aagaatgttt	ctttatagac	ggacttcatt	gaaatctttg	ttgttcttga	1200	
atcaagtgtg	atataatttt	tttcttcttt	tttaaaatat	tccactcag	cactcagaga	1260	25
cacaaaaata	ctgttaagtct	caattaacag	cagaatctca	gagaaaagct	gtttgcaatc	1320	
caaatccagc	ctttggagga	atagagatgg	tcaattaaca	atcaaaaaga	ggagattaac	1380	
ctcttgtttt	tttaccacct	ggtgaatcag	ccataacgca	cacacacgcc	accagcctc	1440	
ttgtttctag	tatgtacttt	gaaatgctaa	ctgagggtct	tgatgcttga	gcctttgact	1500	
gataaaactc	aaatagcagt	ccccagtgat	ttgcctctta	ggttctttct	taaattgttg	1560	30
gtggatgact	gtacatttta	gtgatttgaa	aaataactga	caaaccattg	aaacagttta	1620	
ttttatgttg	gaagagatgg	cgcagatgtg	tgtcagaagg	gagatcacgg	tgtgagtttc	1680	
gtagctattt	aagtataaca	tacctctagt	ttttgtatgt	cttttgagat	cctgagttca	1740	
tccctgtgga	atcagagtgc	acaagcacct	ctcctgtgag	tggctaataa	gaagagggac	1800	
agaccgacca	ccagcacagt	agggcagatc	tggacagcag	aatgttataa	cgcaagttca	1860	35
tgtgttgctc	ccaactccat	tctcttttct	ctcgtgcaac	cagtttgccc	attctcttcc	1920	
tattacttgc	tccagggata	ggtaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1964	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

10

15

20

25

30

35

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggact ggtgacgtgc caccacaact cctgggtgtt ggcttctctg ctaatcttga 180
ctcctggaat cagtgggagc agtaaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgacctat gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcattcttc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaagt gtatttctgg 480
aaattttcat gtctttaaat accccttggg aagttgcttc tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttcccctt tcaatccca gtgccgctct gttctcttcc ctccccctcc 600
cactccccct cttcttcttc tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttctg gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
tggtctctgg ctgtgctcag tgtctttggc ctgagagaac aacttgaatg acttcctggg 780
ttcttgccat aaattattcc tggtagagaa tgtggcttaa ctacaggtt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttgggtg 960
ggattttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggotgcaga 1020
agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcagggtcag 1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatcttc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca 1140
aggaaagggg aaaccacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa 1200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaacccctg 1260
atgatttgta aagccaggtg gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg 1320
tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca 1380
gtttcataag cttcttcttc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac 1440
tgttcacctg gtggaacagt tcttgctctg cttcttaggc ttcattccag aaatccagcc 1500
tctttctgga gaccccaaag ctggaggag atgggcttcc ctctgggctt ctcttcttac 1560
tttgccatcc aactgctcc tggctaacct cagcaagaac caacaaatgg gtagggagac 1620
cccatcta at tggctttttt tctcaatta tggacgtgca ttgttttggg tgggaacaaa 1680
aggttttgga ggggagatgt gg 1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

gccgcaggct	cccgggtgttc	ccatttcgag	aggagctcct	ggctgctatt	gcaaatacacc	60	
aagtcctcat	cattgaaggg	gagacaggg	caggggaagac	cacccagatc	ccgcagtatc	120	5
tctttgagga	gggttatata	aacaagggtg	tgaagattgc	ctgcacccaa	ccccggagag	180	
tggtgccc	gagtggtggc	gcccagtg	cccgggagat	gggtgtgaag	cttgggaatg	240	
agggtggcta	cagcatccgc	tttgaggact	gcacatcaga	gcgaactgtc	ctccgctaca	300	
tgacagatgg	gatgcttctc	cgggagtccc	tctctgagcc	tgacctggcg	agttacagcg	360	10
tggtgatggt	ggatgaggca	cacgaaagga	ccctacacac	agacattctc	tttggtattga	420	
tcaaggatgt	tgctcgtctc	cgacctgagc	tcaaggctct	ggtggcttca	gccacaatgg	480	
acactgccc	ttttccacc	ttctttgatg	acgcccctgt	gtttcgaatc	cccggacgca	540	
ggtttcctgt	ggacatcttc	tacaccaagg	ctccagaggc	tgactacttg	gaagcttgtg	600	
tagtatctgt	gttgacagac	catgtgacct	agccccctgg	ggatatacctg	gtgttctctga	660	15
caggacagga	ggagattgag	gctgcctgtg	agatgctcca	ggatcgctgc	cgccgcctgg	720	
gtcccaaaat	ccgggagctc	ctggtgctgc	ccattttatgc	caatctgccc	tctgacatgc	780	
aggcccgat	cttccagccc	acaccacctg	gggcacgaaa	ggtgggttgtg	gcaacgaaca	840	
ttgctgagac	atcactcacc	attgagggca	tcattttatgt	gctggatcca	gggttctgta	900	
agcagaagag	ctacaacccc	cgcacaggca	tggaaatcgt	cactgtcaca	ccctgcagca	960	20
aggctcagc	caatcagcga	gctggcaggg	caggctcgggt	ggctgcaggg	aagtgttcccl	1020	
gcctgtatac	cgctggggcc	tatcagcacg	agcttgaggga	aaccacagtg	cctgagatcc	1080	
agaggaccag	cttgggcaat	gtcgtgttgc	tgctcaagag	cttagggatc	catgacctaal	1140	
tgacatttga	tttccctggac	cctccaccat	atgagacact	gctgctggct	ttggagcagcl	1200	
tgtatgctct	gggagccctc	aaccaccttg	gggagctcac	cacgtctggg	cgaaaagatgg	1260	25
cagagctgcc	gggtggaoccc	atgctgtcca	aaatgatctt	agcctctgag	aagtacagct	1320	
gttcagagga	gatcctgaca	gtggctgcca	tgtctctgtg	caacaactcc	atcttctacc	1380	
gaccaaagga	caaggtcgct	catgctgaca	atgcccggtg	caacttcttt	ctccctggcg	1440	
gtgaccacct	ggttctgcta	aatgtttaca	cacagtgggc	tgagagtggg	tactcttccc	1500	
agtgggtgta	tgagaacttt	gtacagttca	gatcgatgcg	ccgagcccg	gatgtcgggg	1560	30
aacagctgga	agggtctctg	gaacgtgtgg	aagttgggtc	cagtctctgc	cagggggact	1620	
atatecgtgt	acgcaaggcc	atcactgctg	gttactttta	ccacacggca	cggttgactc	1680	
ggagtggcta	ccgcacagtg	aaacagcagc	agacagtctt	cattcatccc	aactcctccc	1740	
tctttgagca	acagccacgc	tggctgctct	accacgaact	tgtcttgacc	accaaagagt	1800	
lcalgagaca	ggtaactyyag	attgagagca	gttggtctct	ggaggtgggt	ccccattatt	1860	35
ataaggccaa	gagagctagaa	gatccccatg	ctaagaaaaa	gccccaaaaa	ataggcaaaa	1920	
cacgagaaga	gctagggtaa	gagaaggagc	taaacagaa	ctgacaccag	ctccttttcc	1980	
ttctatacat	taatttaatac	ctattaaata	aaattatttt	tggaataaag	cttgtgggaa	2040	
catttcqqat	ctaqaataaaa	aaaaaaa				2067	40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtgga acccatactt gctggctctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgcggatg gccagctccg ggatgacccg ccgggacccg 120
10 ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtt cgcctcgcc 180
cggcgtttg ccaggacgg ggcctatgtg gtctcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacggggac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
15 actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtggatgat cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtcctc tectggcttc agtcttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
20 gagaaagca tgaaagaac cctgcggata agaaggttag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttcctgtg ctctgaagat gccagctaca tcaactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tctgtgtgct gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgtca 960
25 ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc cttccctgcc1020
gtcaagggtg cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagttc accttggcaa agaccaagat1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag ggggtgatgg agagaaggaa cctggagtggt1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaat gcagatgatt1260
30 gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggcgcgcg ccgaaccccg cgcgccactc gctcgtcag agggaggaga aagtggcgag 60
65 ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```

DE 198 18 620 A 1

```

gtgggtggcga ctggcgccga cccaagcgcg ctggagagcg gcgggctgct gcatgagatt 180
ttcacgtcgc cgctcaacct gctgctgctt ggctctcgca tcttcctgct ctacaagatc 240
gtgcgcgggg accagccggc ggccagcgcc gacaggacga cgacgagccg cccctctgct 300
cccgctcaa gcggcgcgac ttcaccccg ccgagctgcg gcgcttcgac ggcgtccagg 360
accgcgcat actcatggcc atcaacggca aggtgttcga tgtgacaaa ggccgcaaat 420
tctacgggcc cgaggggccc tatggggtct ttgctggaag agatgcatcc agggggcctg 480
ccacattttg cctggataag gaagcactga aggatgagta cgatgacctt tctgacctca 540
ctgctgcccga gcaggagact ctgagtgact gggagtctca gttcactttc aagtatcatc 600
acgtgggcaa actgctgaag gagggggagg agccactgt gtactcagat gaggaagaac 660
caaaagatga gaggccccg aaaaatgatt aaagcattca gtggaagtat atctattttt 720
gtattttgca aaatcatttg taacagtcca ctctgtcttt aaaacatagt gattacaata 780
tttagaaagt tttgagcact tgctataagt tttttaatta acatcactag tgacactaat 840
aaaattaaact tcttagaat catgatgtgt ttgtgtgtca caaatccaga aagtgaactg 900
cagtgtgta atacacatgt taatactgtt tttcttctat ctgtagttag tacaggatga 960
atttaaagt gtttttctg agagacaagg aagacttggg tatttcccaa aacaggtaaa1020
aatcttaaag gtgcaccaag agcaaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaaagac1080
aacaatccc ttttttttc tcaattgact taactgcatg atttctgttt tatctacctc1140
taaagcaaat ctgcagtgtt ocaaagactt ttggtatgga taagcactag gccgtgtcc1200
cggtaaccaa_aatggaaatc ttccaaaaca ggaggctcag gctggccaaa aagg 1254

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

gccgcagccc tcatctgccga ccgcagtcgt gttggagctg ttgtcttgta tgctcagcga 60
ggcccgaggaga gaccocgggag agagctaggc cgagtccacc gcccgagctc gctgcccgag 120
cccgcgttac gcacaaagcc gccgatcccc ggctgggggt gagcagagcg accaccgccc 180
gggagcagcg cggcgagacg cacggtgcgc cctatgcccc ccgcccccca ccgccccgcg 240
cgcggcagcc gaagcgcagc gagagaacgc gccaccgagg ggcccggggtg cagctagcga 300
ccctctcgcc acctgcgcgc agcccgaggt gagcagtgag cggcgagcgg gagggcagcg 360
aggcgcttcgc gggcccccctc ctgctgcccc ggcccgcccc tcatggcgcg catccgcaag 420
aagctgggtg tgggtgggcga cggcgcggtg ggcaagacgt gcctgctgat cgtgttcagt 480
aaggacgagt tccccgaggt gtacgtgccc accgtcttcg agaactatgt ggccgacatt 540
gaggtggacg gcaagcaggt ggaggtggcg ctgtgggaca cggcgggcca ggaggactac 600
gaccgcgtgc ggcgcgtctc ctaccgggac accgagctca ttctcatgtg cttctcggtg 660
gacagcccg actcgtgga gaacatcccc gagaagtggg tccccgaggt gaagcacttc 720
tgtcccaatg tgcccatcat cctggtggcc aacaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780

```

DE 198 18 620 A 1

```

tccgcacaga gctggccgc atgaagcagg aaccgcgtgc cagcgatgac ggccgcgcga 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtc tgccaagacc aaggaaggcg 900
tgccgcagggt cttcgagaag gccacgcgcg ccgcgcgtgc gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgtgtc aaggtgttat gagggcgcgc ccgctgcgcg ctgcccctgc1020
cggcacggct cccctctctg gaccagtccc ccgcgcgcgc ggagaagggg agaccgcgtgt1080
cccacaagga cccacacgcg ctgctgtgca tctgtctgt gacgcctctg gcttgcgccal140
ggacttggcg tgggcaccgc gcgccccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgttg1200
cacaggcctg ggctccccac tgagtgccaa gggctccctg agcatgcttt tctgaagagcl260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttcgactccc ctgccccat tttcacccca1320
ccccgcctc tgatccccgc gggcgagatt ggcgcgggag tgtggccgcg ccccatcaga1380
tgttcgccc taccagcgcg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggttac1440
tgccggaggg gagggtgtct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt1500
ttattttcgc agctaagatg gtgttattta aggtgtgtga tgggtgagcg ctctggccca1560
15 ggctgggcca gactccgcgc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctgggl620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggcl1680
agcccgctgc gaaccctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtggggtt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaa1800
actgatgtta tttgatttat ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattggt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatag gacagtagca ttctgaccac1920
actgtacgc tgaacctca tctaattctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaaggal980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcattgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt ttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
25 caccctctga cagagaatac acctgccctt gtatatcctt ttttccctc cctccctcc2220
cagtgggtact ctactaaat tgttgtcttg tttttattt ttttaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagtcttat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtgggtta2400
atagtgtgta aaataacct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttc caactccgtt tcccttatag caaatgtagt aatgaggat gaagtccctt2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 45
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 55
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaaa acaaaagcca gcttacaaag atttgaccaa 180

```

DE 198 18 620 A 1

taaaacccct	cgagcccaca	gccttatcag	ctgggggtga	gggaagactg	gtctaggtgc	240
tgctcctgaa	cttgggtctct	gagccatggc	ttcccataga	cactcaggtc	cctccagcta	300
caaggtgggc	accatggcgg	agaagtttga	ctgccactac	tgcagggatc	ccttgccagg	360
gaagaagtat	gtgcaaaagg	atggccacca	ctgctgcctg	aaatgctttg	acaagttctg	420
tgccaacacc	tgtgtggaat	gccgcaagcc	catcggtgcg	gactccaagg	aggtgcacta	480
taagaaccgc	ttctggcatg	acacctgctt	ccgctgtgcc	aagtgccttc	accccttggc	540
caatgagacc	tttgtggcca	aggacaacaa	gacctgtgac	aacaagtgca	ccactcggga	600
ggactcccc	aagtgcagg	ggtgcttcaa	ggccattgtg	gcaggagatc	aaaacgtgga	660
gtacaagggg	accgtctggc	acaaagactg	cttcacctgt	agtaactgca	agcaagtcac	720
cgggactgga	agcttcttcc	ctaaagggga	ggacttctac	tgcgtgactt	gccatgagac	780
caagtttgcc	aagcattgcg	tgaagtgcaa	caaggccatc	acatctggag	gaatcactta	840
ccaggatcag	ccctggcatg	ccgattgctt	tgtgtgtgtt	acctgctcta	agaagctggc	900
tgggcagcgt	ttcaccgctg	tggaggacca	gtattactgc	gtggattgct	acaagaactt	960
tgtggccaag	aagtgtgctg	gatgcaagaa	ccccatcact	gggtttggta	aaggctccag	1020
tgtggtggcc	tatgaaggac	aatcctggca	cgactactgc	ttccactgca	aaaaatgctc	1080
cgtgaatctg	gccaacaagc	gctttgtttt	ccaccaggag	caagtgtatt	gtcccgactg	1140
tgccaaaaag	ctgtaaactg	acaggggctc	ctgtcctgta	aaatggcatt	tgaatctcgt	1200
tctttgtgtc	cttactttct	gcccataacc	atcaataggg	gaagagtggg	ccttcccttc	1260
tttaaagttc	tccttcogtc	ttttctccca	ttttacagta	ttactcaaat	aagggcacac	1320
agtgatcata	ttagcattta	gcaaaaagca	accctgcagc	aaagtgaatt	tctgtccggc	1380
tgcaatttaa	aaatgaaaac	ttaggtagat	tgactcttct	gcatgtttct	catagagcag	1440
aaaagtgtca	atcatttagc	cacttagtga	tgtaaagcaag	aagcatagga	gataaaaccc	1500
ccactgagat	gcctctcatg	cctcagctgg	gacccaccgt	gtagacacac	gacatgcaag	1560
agttgcagcg	gctgtcccaa	ctcactgctt	caccccgttt	ctgtggagcc	gggagaaggg	1620
accctactgg	accatggcat	ggggttaact	ttcctcatca	ggactctggc	cct	1673

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga	cgccgccggg	cgcgagtggt	ctgcctgctg	cggggacact	cagagccggg	60
tgggcgggag	gaaggcgga	tgccccagac	ggtgatcttc	ccggggccctg	cgccctgggg	120
cttcaggctc	tcagggggca	tagacttcaa	ccagcctttg	gtcatcacca	ggattacacc	180
aggaagcaag	gcggcactgc	caacctgtgt	cctggagatg	tcacctgggc	tattgacggc	240
tttgggacag	agtccatgac	tcatgctgat	gcgcaggaca	ggattaaagc	agcagctcac	300
cagctgtgtc	tcaaaattga	caggggagaa	actcacttat	ggtctccaca	agtatctgaa	360
gatgggaaa	cccctccttt	caaaatcaac	ttagaatcag	aaccacagga	attcaaacc	420

DE 198 18 620 A 1

```

attggtaccg cgacacaacag aaggggcccag ccttttgttg cagctcctaaa cattgatgac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataaac tcgcccaactg ggctctattc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaaacgag 600
5 cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagcccacac agcctcgcca gtcggggtcc ttccagagtgc tccaggggat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaaacggc agtgtgagag ctccggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcgggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgttg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggttac ttctcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagcccgcac aaagcccccga gagggtatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggcct tagaccttta tctattgtt tattgaggaa aaggaaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaa1260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
agttgatatt gcaattgttg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttg ggagaaattc cctgaatttc1500
20 ttttagtttg tattcaaaaca attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1593

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 572 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgcga 60
gcagagcgct ataaatacgg cgctccacag tgcccacaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcggggcac aggggtgccgc tgaccgagge gtgcaaagac tccagaattg gaggcattat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
60 ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcagggaa gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgcctta aatgagacca ggggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggac tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcatt540
65 gaagttgtgc aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtatctt acaattttcca tagagttggt ccccatcag 120
agagggtggt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggtata cagacagcaa agaattttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatatctt aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcagggaaga gattcccagt atgctgaggg gtctgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaata tgtacaatag ctcatcttca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaatttcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaactcat1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcacctc tgctcaaaac tggaaactcag cattccctgg agggggagg1200
tgtagggttt ctggttccca gacaagatcc tggccataca agaactcctgt ttcaaaggta1260
gtcttttagg atacgctgca ggaccactaa gagtccaccc agcttctaaa gacttgagg1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaccc tatctcacca1500
gaagagaaac ccaaaggtaa ccttaggcac tctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctccctcca ctgctctgac ccacctctt ggcagaaaat1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag cctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctcactg ctttcttagc1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aaccccaatc1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca cagtgaataa tgcacatctc cagccttcat1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggttt acagggacca1980

```

atotcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgg ttacagggtt ataattagac2040
 acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
 tggggggaaa aaagcaaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
 5 aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgct ttttaggcat2220
 gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
 cagacacact aaatcatgtc ttttgagat ggctctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
 cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
 tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
 10 cttccccccag tgaaaatgca actagacctc catgttccat aaataggatg aagtcctgc2520

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
 tagtcacccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata ccataaccag cagtatcatg 120
 45 actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
 aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaagt tctgacagac 240
 aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaaccacag gagtgtcgtg 300
 gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
 50 tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtgg cagttttact 420
 gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
 actatggtga ggaaatggac atgatttctt acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
 caaccacttt ctctgcagt gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
 ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattggtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
 55 ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctctata 720
 gaagtttctg ctgctctctt tccttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
 ggcttctctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaacat gtttctcact 840
 tttcacatgt ttcataagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttctct gcacaccaca 900
 tatacagtgc gcattctac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
 60 tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
 agagggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgtg ggttccccac 1080
 caaaagcagg ctttctgccc tgaggacat cttccactc ccctgctcca catgagccat 1140
 gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt 1200
 aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaac aggggttgaa ggatttctctg 1260
 65 aattagaaga caaacgttag cataccagt aaggaaaatg agtgacaggg ccaggggaac 1320
 ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaa cagagaatgg tcagagaatg 1380

DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa1440
 aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctagggaag gctggcagac1500
 accctgggaa cctgggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
 gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
 gagatggcgc tatcttttct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
 ttacaaaaga aataaaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
 tcagttcctc cagtgggtgt cggggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
 gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtga gccctctcat agccatcgca 180
 ctgaaaaatc cccagattca tgagagaact ggccggaggg gaccactgt catcacctga 240
 atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtc agcgggagat gcttactga 300
 tgctttcttg ctacctgttt gtgcctctta tgacttttga aaaacaaaag atattttgct 360
 tttgggggat agaggggtgg tgggaaaaga aaaaaaatcc attttggttt ggttttgtcc 420
 tattcctcca aatgcagcag ggcccttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtg 480
 tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
 taatcacaaac atttgtgcat cacttgtgpc aagttagaaa atgttctaaa atcacagag 600
 agaacagtgc cagaatgaaa ctgaccctaa gtcccaggtg ccctgggca ggcagaagga 660
 gacactccca gcatggagga gggtttatct tttcatccta ggtcaggtct acaatggggg 720
 aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccacccac ccgatggccc 780
 tgccctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
 ttgtacaaat cacaatgggt cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctct 900
 attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960
 tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
 tggaggggat ccttccttga ttacatcaag tatgttggtg catgggttta tacaagttcc1080
 tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aatagggggc1140
 tatcttaaat cacttgtttg gacacatttc tgcatttatt tgtaaaggct gcaaaaaggag1200
 aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggtg1260
 gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggc ccctgccggc aagcagagtg1320
 tcacagctgg ctttctctac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal380
 ctacagccag acacccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
 gcacagtcac tcaacctgcc atttgcgga atgacctggt gcactttgac tgtaagcaal500
 tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattccagc aaggtatttg1560

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaa1620.
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

tgcgcgcgcg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gcccgcatca tgagcattgt 60
ggacocccaac cgccctggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctgggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccaccgacc aggttgagta 240
ctgcatcgcg cggatggccc cctacacggg ccccgactcc gtgccagtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgaacct taatccaccc cgccggcgcc 360
ccctcgctctt gtgcgcgctg ccctgccttg cacctcgcgc gtcgcccac tccgtcctgg 420
gttcgggttc agctcccagc ctccaccgg gtgagctggg gccacgtgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcacg ttacaaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagttac 540
gttaaaaacc aaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaaag attaatatt tgcacggaaa tgtcttggtt tgttgcgaca 660
taggaaaata accaagcaca aagttatatt ccctcctttt tactgatttt tttttcttct 720
atctgttcca tctgctgtat tcatctctcc aatctcatgt ccattttggt gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaagaa aatcttttga aatggctgtt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatattgt ctattaaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaal080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgtg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtct caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtgga ggcgtggctg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tctctctctc cagataattg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatitt 720
cctttgtcgc ccctcctttt tctgattgat ggttgtatta tttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact ccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctt ttccgtgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggaagtgtc tatgaacttc 1080
cataaataac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgtctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatggtga tggcaaagg 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcagggaat gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatttt tgtatactat atcaactaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggaggcgcgg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga gggagaagct ggaggacagg 60
aggatggggc tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgccg gaatggataa ccgttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcatttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgtattg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac cataccctaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaaaatgt gtgagtttca cactaaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcgttgcc agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggctttg atcggacttt gtgcttgcat ttgcgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggctctgt tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggtccttc tgocctggct gtgtctctgc tcccttacag ttcattggct ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttaacaatt ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg ggttacctta aagcgatg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agggaaagag	agagagagggc	ctagacgaac	acaatcacat	gttttctttg	ctgttcctcc	60	
cgggatgggc	ctgttttggg	gtttgggact	ctgaaccoga	gcgggggttc	ttcgcttgac	120	5
tttgatcctg	gtccttaaat	gcctttcccc	actccctcc	cggtgggttc	ggggccaagc	180	
ggccctcct	cagagcacgg	gcagcacgt	ctcctggacc	cctgtgtgcc	agcctctgca	240	
gacgcagctg	gtgggagggg	gcatggattt	ggaggtggag	aagtcactcc	tggtcctcgg	300	
aggggggtgg	ctgtgtgcct	agttcagtg	gactcgggga	ttggtgaggg	cggacagggt	360	10
tctgaggcct	ccctagcctt	ctttgtaaat	tcacacgaga	tagtccaggg	ctttccagcg	420	
cccagcttgg	atgataatcc	tcgtgtcccc	cactctaagg	cctccttgag	atttccttgg	480	
ggtctaccac	gtcctctgcc	tgtctccagg	tggtacagga	gatgtgggtc	ctgtccctct	540	
cctgggtccc	tagggggccc	cagggccct	ccctgtagct	ttagctgacc	ccatggtggt	600	
gggtgtggg	tctgtgcg	tgctcaggt	agcttggggg	ctcagggtaa	gcggtcccga	660	15
agaacggggg	gggag					675	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 350 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

agcagagcaa	ggttgggttc	gtcctctg	cagaacctcg	gtctcagga	ggtccttgtt	60	
ccagggaaca	gtgtctctc	tgggggtg	ggcttcta	ttcctggca	gcccctcggc	120	50
actaaccag	ctggaacca	ggggaacaa	cgccctgg	tgccaaacc	ttcgtgtcta	180	
ttttttccag	aaaaacggg	gcaatggct	ttgaggagc	catttggga	gaactggtgc	240	
ctctaattgg	gcaaatgat	tctgcagg	gtgcagttg	ggcagggaa	attccttcaa	300	
acaaggggtt	ccacccaa	ccaggcccc	gcttcaa	gttcagaaaa		350	55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc  tccggctttt  ttttttttat  ttaagaaaat  ttattttctac  ttctacagca  60
gaaatacggg  aatggtacag  gtttgggcaa  atcatacttt  atgaaatgga  tcctcatacc  120
acatcctttt  taatacaggc  acgttataac  ataattcctg  gattttcaaa  atccagccaa  180
cacggatacc  tctgctactc  tgttttggcc  ttcatagctg  ctctctcttt  cagacgagct  240
ttcttttcta  agttcaagct  tgttaaagtc  tcgtgtcttt  gggcagcctt  cttgccctca  300
ataaccatga  agatgcatcc  taccacgctc  agggcaatca  ttagatagct  gatcttcact  360
cgcatcttgt  tctttgcagc  atcaagcatc  tccaacgaga  cagtctctgg  gatttcactc  420
tcctttttga  agcgacctga  ccataatgag  atctttttct  gccaatccgt  aggttttgtt  480
aaaggcactc  tgttgtaagt  gcgggatgga  gtcocgggac  tttcctgtgg  ttttgtgcaa  540
aatccattta  ttctcttcaa  atcagagctt  ctggttaagc  ttagagatga  ggaaacatct  600
ctttcacata  acctaaaaca  gcttctctgt  gccaggcgca  gaccgctgag  gctcccatg  660
gccacttgct  actccgccga  ccagcgcgga  acttcgcggg  ggacggtggc  gctggtgagc  720
tcaatgtcac  ccagcggttg  agtggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcaccccca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt 217

```

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggttttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt 392

```

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttccagtt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgtc 180
    ttacttccta ccccttcctt gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  cctggaaaag aacccaaaga aaacctgagt ggacagggtt atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaagg ctagattttt agaataattt caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttgtc atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaaccat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatcctcgg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatattg gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atagtgtatg cagtgttaaga aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gctcttagag agltggagca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaagag1020
    ttcatatttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct1080
    actgtgaaat cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag1140
35  ctccatattt ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc1200
    tggattttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcacattc ccatacacag1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaaacttt ttcttcagaa gccaaaacta cttgcagaat1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttctcaca gataggtttt agtgtaagct agtattctgt1380
    gtgttcgtag aatgattcca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgct1440
40  ttattataat agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa1500
    agtagatcc cattagcact tgaaactaca gctttgaaa cttaggctaa gttaatttgg1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acacctttt tgggtccctt tgggacagag1680
45  aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740
    gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
 ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
 ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
 gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaaag gagtcactgc agaaagtgtc240
 ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
 agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
 ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420
 ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
 caccaggaag cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
 tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaaa 60
 gaaaaaaa gtcctttttc gacatcacat tcctgtgttt tcctcagcc tggaaaaacat 120
 attaatacca gtgctttttac gcccgaaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaaag 180
 ggagataaga aggatccttg aacttttaaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
 gactggactt taagggacgt cctgtgtcag cacaaggagc tggcacacac agacacacga 300
 gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagagact tagaaggaca gctcctttca 360
 cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggtcga 420
 gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgggtact ctgaaagctg gagctgcagc 480 65

```

acaccccttt tgtattgtct accctcggtt aagagagaga gggtgggag gaaaagtgt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc tctycaacc ctctgcattc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgtgtgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccaag gaggacggaa agtgcctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc aactgggag gtctcgcgga attgagagat ccaactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgcccagcc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaag accagcagcc 960
10 aggggtctct cgcgtgagat gatcagagat gaggggctct cagctcggtc aagaatgttg 1020
cgtttccctt cgggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga 1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg 1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc 1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcgagg ccagatcctg 1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttcctgaa gctggagaag 1320
ggcaagtttg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat 1380
cccgttaggc tggaaagcat gtacgaggtc atcgaccaag gcccatccg taggatcgag 1440
aagatcaggc agaagggtt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtg 1500
gtggcgaggg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagcctggg cagcgagaag 1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcaaaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggtc 1620
ctgagaaaaa tggccgcac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc 1680
accacccctt ctctgcccc agccacaaca gtgactcggc ccacgtcccg ggcggtaac 1740
gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc ttccccaaca cgcagaggcc ctggaccccc 1800
tcacctccc acaggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag acctcagtt 1860
25 tcagagaatc tttaccctcc atcccggaa gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc 1920
aggagggcca gcaaggccac cagcttgagg agcttcacaa atgcccctcc caccaccatc 1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggccgtttcc gggacaaccg catggacagg 2040
cgggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgccaggtc ctccaagcc agcaaaggag 2100
30 aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat 2160
gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcaggtggg gaatgttccc 2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag 2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaata gcaaatgaag 2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa 2400
35 acagaacagg atggctatca gaaaccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag 2460
tcagtggccg acctgctggg gtcccttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct 2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc 2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc 2640
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa 2700
40 gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat 2760
gacttcttca tgggtctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtacca 2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg 2880
gagaaccaga agaggggggt ttttttgaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttgtgggt gtgtggggtt ttttgagggt ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
agacctccaa catacttgct tgaagctcgt gccgctggcc atggccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg ccttgggtgc tttagtgtca gaagcctagg ctcaagaagc cagcagcgcc300
atctttccgt ttcaggggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360
acctacgtat aaagttttag ttcatgggt gtgcgaaaca cctttttat cacttttaa420
tttgacctt atttttttt ttccatgctt gttctctgga catttggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgttttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaag gcg                                     743

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

55

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaa tctttgcaact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtgggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600

```

65

DE 198 18 620 A 1

```

ttttcctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aagaacctaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc tttaaattgt tctcctcgt 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtgt gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttgaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaatga tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtggt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa gggttaaaga aacagtgaga aatgtaaaca1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt ggggaataatt atcagagaca tgcaactga1140
aatgtctcac ctttcatctt tttttcttaa ttcataaagt tatcttgtag aatttgatga1200
gaccctccta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatgggtgt tgagagtgtt1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggg ggcatttgct gccagtgcc1320
aggaatagta acattatgaa tgccaggagc agtgtgtcga gtaaagtctt ccatccaaa1380
ggggcagggc acgggtgtc acgcctgtaa tcccagcact ttggggaggc aaggtgggcg1440
gatcacctga tgtcaggggt tgcagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaaccca gctactagg1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaacccg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg1620
caccactaca ctccagcctg gatgcacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgcgtgt tttaatctac120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcatggact tcatgacagc240
tcttttgggt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctggt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatTTTTTTT cttttaagac atgcactott 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgttttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatTTTgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttga accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattcttaaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaaagct gatttttatg gcatacacaa 600
gaatgccact ttttctttta tttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcaactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcg 840
agtatataga acaatattcc atataaataa gtttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcggt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat1080
taaatttcta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa1200
aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg 60
tgctgtatgt ttaagaaatg gagtttatgt aaataatagt taagcttggt cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgcggggg gcctggggct cggcgctcggc ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggcgagac tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcgggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg. ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcac tggccacctc cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcacgct. ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatgggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtta aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcagtcagg720
tctgtaaaact gcaa 734

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36 30

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt ccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttga atgcgcttcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccattgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gcgggcgagg gcggaagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtgaagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaaggg gcgtaactga ttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
10 accgaattag aatcgcgga aaatagagaa gatttgggtt gaaggtctcg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaagtt ggagcgtctc cgcgatagac acagcaacta ttcagctcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
15 ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc caccatagcag gaagtcccac 420
ctccttgagc tccgccaccc ttcccgaaat tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgctg tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgctccc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgctt cctgtggttg ttggcgtgtg gctgtgggga gcggccccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcgacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
20 cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcctt gtggaggctc 720
accagacaa tgcttcgagc ccattgccc caccaccccc agccccggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttcca agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaagccc 840
agaaggctgg atatgggtgc gctgtagtac acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tggtgtggaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat cccgtctgta tttattgggg 960
25 agagaagctc cgagtacctg cgtgcctctt ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc1020
tggttccaga caataccttc cccttgggct attacctcat ccctttcaca gggattgtgg1080
gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccggaac1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc1200
30 agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca ttgctctgga tgaatatgag gatggggaca1260
agctgcggtt actccccctg gctcatgcct accacagccg ctgcgtggac ccctggctca1320
ctcagaccgg gaagacctgc cccatttgca agcagcctgt tcatcggggt cctggggacg1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag aggaggggtg tgaaggggag ccaagggacc1440
accctgctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctctttt1500
35 gtctccttagc ccagctccc cttgttttcc ctgggcttcc aacagatccc ccactgtccc1560
ctccctcttc ccctgttatc ctggtctaata aacccccac acatacacct ctggtgacct1620
atgtgcacag accgtgctct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatccca1680
agcttctccc ttaccacacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc1740
agagggactg ggtcttcact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa1800
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

5

cagccgcgcg ccacccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggacgt tacccggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcttg aaaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctgt gagcactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcgcgctgg gatctagacg aggacattat 480
 aaacttgaa tggtataaat caccgaagtc gactttcttc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caaccctaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660
 gaggaaaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgcactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttgga agacaaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaatcgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggctcatctc agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctctata acaacaatga agatgccct catgagcctg atggtgtggc ccttgtatgg1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccccagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg gtggtacata ttcaggccaa1140
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaaagaac tccactgtca1200
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtg gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380
 atgtccttcc ctggttgaga tgtcaacaac tttgttgttg ggagtgaaga aggttctgtg1440
 tacacagcat gcgcgccatg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcatcaa1500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttgag cagtagactt ctacatctt1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagatttg atttgtggaa tctcaataat1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacgg1920
 tggccccgacc c 1931

10
15
20
25
30
35
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 294 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttgggtt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atttagggaa agatagaact agaaaggctt ttctattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gctccttttc attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaaggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aacctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaaaca atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaa540
ttcttgtgta cccacttatg ttgatccaca gagtgctttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggaggaaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccaaaggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgagg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

ctttttccta gtgttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
 aaacagtggg ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggcccccttg agtctgaatc120
 cccgggcggg gtgacctggg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 40

(A) LÄNGE: 238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 60

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

DE 198 18 620 A 1

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaaagt tcccaagagg 60
tctctgtattt ttaagaaatg gaatttattt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120
ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcatttaag180
5 gaaataaaaag tggaaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcggg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccacgggaca 60
ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagtgtga catagtgttt tagatgaaag120
40 agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240
gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360
45 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
tggcactgag atattttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttaggatg aacttgttcc480
attattttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540
tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600
taaactgtat aataatcatg aaattcgctc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt660
50 tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcttaagagt aaaaccaagg aacagattct720
tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
ccaggcaagg cgtaggttaa ttgagtggta aagtcagggt ctggggggaa tgttggaact900
gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gttc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggtaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaatagggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccctt gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatattatg atttgcctgt tcctgtaaga gtgcggattc ctttctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcata taaattttaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

DE 198 18 620 A 1

tgctttcttt cccttggttt catcatttcc atatctttaa ccaaat+acc tgggtatctg360
 acaacagcat catctacctc agtcattagg atttcttaast aaaaaagnga ttgtattttt+420
 gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagcttttgc480
 5 tgttctaaat ttaaaaattag ttgcttcatc agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
 cagtctcctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
 tgcttcatgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgag gtcacaatgt660
 ctccagagc 669

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

cgatcacgtt ttcacatgat gtcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
 ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
 atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttgtgttt cctggagtgg180
 45 ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtctctgctc ccgacactct240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
 ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
 cagctataca actctacca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
 atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

aaaaaaaaa aaaaagaggt taatctagga gataatgaat ggcctagtac tagataatat 60
 atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
 tgagattttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
 atattttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
 tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300
 aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
 attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
 ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
 acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
 atcggttaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
 tgtgtgtgca agtgtgcagg ttccctttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
 tcataattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
 caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccocaaat gaacggttct 780
 agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
 ctacttacaa gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
 caatgtttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcagggatc 960

50

55

60

65

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgaactgaca1020
 aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgtta ctctcggttg1080
 cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140
 5 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200
 caggtttccg tggaaggttt ttattgggg 1229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60
 cctgaaattc agagtgttaa cttttagtag cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120
 ttaccoccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggt gggaagcatt180
 ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg tcctgtattt240
 ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttggt cccatgttgg ccgggcaact300
 45 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcatttttaag aaaataaaac360
 tggaaattga atatgggttg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420
 ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgatc480
 tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa tattttcact ggttttctgt gactctctaa540
 acacttcacg gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtggcca600
 50 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg tttaggggga gcctaggact660
 gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatattg gctttaacag720
 gtgacccggc cctctttacc gggtttccag 750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaacccc ctcttttgag aaggttgccct gactcagaga cacagaaacg 60
gggtccaggga tggggagaga tgtggagtga ggaaggttt gcatttgaga aagggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180
tcctaataat gggaggtcag ggccagggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
gggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatatta 120
aaccatttta gccttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aattttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccattttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtccctaag 360
agattacatg ctagggtcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcga cggacagtgt gaccaagata 480
tttcagagtg aaataaccca ccacaacctt ggtaattccr cctctcttct taagctccag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5   aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatatTTTT ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtacttc 900
10  ctgcagctctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15  aaacaattag ctggacctgg tgggtcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggtttcc aagtgggaag 60
aggagagcga caagggtgaaa atgccccgtg ccggggcgtc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aaggtgcca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgcgcgtgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgcctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagcccagc agcggagtcc cactccata tacagccatt240
gccagtccag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtgc cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atttgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgcc cagtaatgtt tatttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccac540
tcccaccag aagggtacaa gggctgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c                                     611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

```

tgggcggcgc gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tcccgccgt gccgtccctg120
ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggtgcacg ccagcctgtg tggcgtctat180
taaggatggc cgggctgttg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaagtaaa gcagatcctg gccagaagct ccagtgtatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgttttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
10 tgtagtattt actgtcccggt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaatg gcagaggaca gcaaacgaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaaag gaggtattgt agaattggag agtccatgaa gacatatgca240
gaggttgatc gccaggtgat cccaatcatt gggaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcaactgt420
tcagataaca gccttttcaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
aaatccaaag gaaagttatg gccgttcacg aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
55 gggggcccat tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctggctctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtgggaacat aggtcctaga cagggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcgggt atgttacctg gtgtggcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg cattttttaa atcccctctg tttaaaagggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtcaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag tttgtccat gctgggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcaacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttgtt aagttttaaa aaaaaaaaa840
aaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

cttaccaaca gcccttctgc taagtctctgt tttttggata tttatgactt gggtcatctt 60
atTTTTtctt gatttagcag gagcccttct ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
ctttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggcttctga 180
agaagaaaag aaagtgaata tcatcacctc tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
atTTTgtaca tcatgtctta taaggagcc attaaggcca ctccactgcc atgtatgcaa 300
ctgctgtgtg gctcgatag atcaacactg cctgtggact ggacggtgca taggttttgg 360
caaccatcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atggtatgtg gctggattat 420
atatggatct ttcattctatt tgtccagcca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg tttcccttgg gttttatata tcttgatgct 540
agcaactttc catttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcagtcaga acctggcaga 720
tttctttcag tgtggtctgt ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
aaccctaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtggtttt taaagccatt 960
aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggttttagaaa gatggacttt1020
tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat tttcacaaag aaaatgcaag1080
ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaaat gatgtacctg ttttgctttc1260
acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cgtgatctct cctcagtaaa accaagggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
attaggagta gagggttgta aatacttaaa attttttcc tttctgatat aattattgat120
ctccttctag aagtcctgtc gtcttfgctg gagaattttt atttaagcat cctttttag180
aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
ctacacagtt cctttattca gttttccc 268

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcc t gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgat t cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg ttttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaaatt ctcccaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaattg aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcgtt caggaaagtg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta 752

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggcct ttgcggcact gggtagtatt 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggg gatgattgtc tcagcactca cgcaactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttccctctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggttgg cttgtgggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaggagt 360
ttagtqtta taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccctgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tccctcctg gttctacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgccc tggtcctta aatgcccggt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gctaagact ttgttaagat ctttctact gcttttctt ctgcttcaa 900
cacacaattc qtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgacca gcacagtgg cgcacccgtg tcaactccctg 1020
gctgtcctg cttctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgtt cccagcccc 1080
tggcctggc cactacacag tggaaaacag acaagcgcc ctttcccaa atcccaagag 1140
tgtctgtct cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccagg ccactttgtt 1200
tgtaagtat atctggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tctggttctc tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct 1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaa
1389

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
ggttgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagt tgaccaccta120
gaggagcacc tggagaagt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taätggtta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagtttt300
gaatatatag atcaaggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggäggaggct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttcgg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc accgccttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcgatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgaagcc accttctgc tgagggtggga600
ctgggccctg gacacacccc tcagccctc tgctctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggtgggag gagaggcgga gtgtgcccaa gggttcaaga ggttggttg ggtgaaatgg720
gtttgt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgaggg agttcaggta180
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtaggcaggg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtcct cttctgtgct300
gcctggtttg atctcatetc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttggggc360
tgacaccac caaggatgac ctgtggactg ccacggatg ctgaacaggg agatgaaagg420
aggctcctctt accatacccc tctgccaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatatc cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataa600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaaggg gtagaagaga agcttgagc tgtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtcttttga gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggt gctgccaaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtggttcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttcctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa 1020
ttgtatctaa tcttgaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gtttcataaa 1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	5
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	10
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	15
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64	20
aacagttggg aggttccttag ctcttttttag ggtottaaca aagggttttg ttttagtttt 60 agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120 ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180 ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:	30
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 806 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	35
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	40
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	45
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	50
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65	
tccaagggt ctttagtcct tccaaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggttg 60 ggacctcctg gggttcttac ctteccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggtta120 ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagg180 tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240	60
	65

DE 198 18 620 A 1

```

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggtccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc ccttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtgggg 806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 241 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

ggtggaattt ttttgggccc agtatttggg ggtgatagg ggtagagggt tgtaaatact 60
taaaattttt ttcctttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtctttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaattgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagttttc240
c 241

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 266 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

```
gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtga cagagatggc ggcgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggt acctcaaagg tggtcgggag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggtgaca aattat 226
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

```
ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtgt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggcccttc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccgtgct t 151
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcgggagc gaaggggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggccc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgcg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgcactgc gcccgagcg atgaagatgg tcgcgccctg gacgcggttc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgtc 300
tggtatctga tcatcaatgc ttgtgtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggagggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gatttctctt ctcattgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatcccat cttctgttac cagatctttg 540
actttgcctt gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attottctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctgggtta tgttaccagc aatgacacta cgtgtgctgt acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgcgtccaag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctt tgagctgttt tgtgtgtgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttctctg acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tcccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctgggccc1200
caaagtggg catttttctc tctgttcctt ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaal260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttggtggt1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgcccccttt1620
ctcctggatt cacatcccca ccaggggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtgggaattg ggatataatt gatatacttc1740
tgctaacaa catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ctttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgttacaa agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatggtgg2040
cg. 2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 147 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	15
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	20
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70	
ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60 acaggtagtc ccagtgc tag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtg120 gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:	35
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 143 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	40
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	45
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	55
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71	
ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60 aaaggtagtc ccagtgc tag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120 gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggaggt cagtctgagc taccaagact 180
gtccctagac aaaggtggag tccccacac tgccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg cctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gagggcactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtgc gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct atttctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggtcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggccctg tgacgcccgg gctgcttgg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac 1020
aggaaaatga acttaatcaa gagagactgt gatattgtgt aagaagggtg tgaggggagg 1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag 1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg 1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcatc ttccccaca gatacacatc 1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct 1320
gtctgcatat atctcagaat taccccagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag 1380
gtaggcaaaa ttgttttca atgcctgtgc ctcagctgct gtcacaaata cccatcttag 1440
gatcccatca gcttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt 1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaaggtgt 1560
aatgattga taataggaat gagttaacct ttcccacaga catttgtttt taagtatgac 1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggtg agctttctgg 1680
gtagaaggag acttoctgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg 1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtg ttgttacggt 1800
ctctgagggg atatagtaaa aatgcataat cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcacc 1860

```

DE 198 18 620 A 1

gattgtggac	tgtattggct	aatgtgtttc	ctggctctta	gatgcaaac	attaataaca	1920	
ctatcttata	tcatagtttt	ttcaggggtg	cttcttgatt	agtagggaat	tttgaacacc	1980	
tcttttaata	cagctagaaa	ataaaaccaa	tttgtaaagc	cacatttgca	tatgatgcca	2040	
gcctcacgca	tttgatatat	tccagaaatt	caggtatgcc	tcaccaattt	gcccgtcttt	2100	5
aataaaatct	tgtgttaaaa	tttgcacac	gtcgcttcc	tatgtatgac	gaaacaagaa	2160	
acagagattt	ccaattgtc	ttttgtcttc	agacatttag	taatataaag	tacctatttt	2220	
tatgctgaaa	tgtttatata	ggtttattaa	tagcaagtgc	aactaactgg	cggcatgcct	2280	
tgcaacacat	tttgatata	tagccatgct	tccgggtaaa	ggcaagcccc	aaactcctta	2340	
tcttttgag	tctctctggg	atcagtaaaa	gaaaaaaaa	ataatgtgct	taagaagtgg	2400	10
gactgtaaat	atgtatat	aactttgtat	agcccatgta	cctaccttgt	atagaaaaat	2460	
aattttaaaa	atttgaatgg	aagggggtaa	aggaggtcat	gaagtttttt	tgcattttta	2520	
tttaaatgaa	ggaattccaa	ataactcacc	tacagatttt	tagcacaaaa	atagccattg	2580	
taaagtgtta	aaatttacga	taagtattct	attggggagg	aaaggttaact	ctgatctcag	2640	
ttacagtttt	tttttctttt	ttaatctcat	tattttgggt	ttttggtttt	tgcagtccta	2700	15
tttatctgca	gtcgtattaa	gtcctattgc	tagaatagg	tactacaaaa	aaggttatat	2760	
tctgaaagaa	aaataactga	catttatata	aaccaattaa	tttaaaagt	tgccatttaa	2820	
attacacact	gagagcatgt	cctatgcaga	catagatttt	tctgttcatt	tatttttctt	2880	
cattgcagtg	gattgatttg	ataaatagat	gtgttgattt	actacatttg	ctgtacatat	2940	
tatttaataa	actttattca	gaattgcgtg	gcaaaaaaaaa			2980	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

cagcattgct	ccacggcaca	gcataaggat	agatcccaag	tccacagggt	ccattttgca	60
ggtcatatcc	tgatcctagg	aaatgtcctt	ttcccatagt	tgctctatgc	ctttgggggt	120
tagtctatcc	caggggtaac	tgtggagaaa	tcattgggtt	gagagtcaag	agagcattgg	180
ttttggagct	ttaatccctt	tctggttgaa	ataagggtgt	caacttg		227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 773 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aaggttctcg cctctctctg gcagggcgga acctctctgc tgggcccggt 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctcccgccc gaacggctgc cgcgccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaacctcc ttctcttctt ctctctctcg gcttcgcgcg gcctgcctc180
```

DE 198 18 620 A 1

```

cctctgcgcc ggccgcatcc gcttgctgct gccaccgact cctcatcttc tgcccgcca240
accggcctgc ccgctgcag tgatgtgca caaggagtto atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttggat gaggtgaaag actatgtggc caaggagaaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tcagataaaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgct tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggtgctga540
taagactgtg aaaggccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctctg660
tgccctcaca ctgctgcctg tctgtctgct actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 293 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggaal20
actgtccta attttcccta cagagatgat gtcagtgcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattarrct tctgtttatt agcattaatc ttgactttta aggttgaatt gatagctgtg240
tttggaactc taaccgtaca atcaatggtg gggactcctc tgatgtccgg ggt 293

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggctcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgcccagc aatgggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga tttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aaggttgcat ctttttccag atgagtatat tcagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtagtgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgcgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaaggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg 870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgajcccag ccggtcacc tacaaccgyc 60
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
gatttcttca accccaggga tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgaqatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttgggtt attaagatta120
ttaaaattag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180
gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaatgggtt cgggggtaaa ggtaggggac360
aagggaaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2483 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
tttttgagtaa taacttcaag tgcaattat gccatgcata atttcttttg tctcatgttt 180
ttcccccttt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc tcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggt gtatcccaag 300
cagggaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
ttacgggagc aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttctcg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
tgtttctctc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccagga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tcttattttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaaggag tgagtgtgaa 660
gatggtggtt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctctgttca catcaaaaga 720
lattggtgtc agaataccag cattttctcg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctggtg actaaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta tcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctctttattt 1020
atgctgcttt tctgttcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgctagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataataaaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta ggtttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca tttctaggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatg atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aqcttgagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcataa ggtatttttg ggagagttaa 1560
ggtataattt gaagggtggc agaccagttg ggcgtattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa qaaggcagga aggaaagaaa ggtatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
ggcatttttc tttttcccc acaaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
tcattggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc 1800
actctacaa gatagtaggc tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacattttaa 1860
ctggcatata gaaaaaaagg aggttttttc tgcattgtaa aataatcagt atggtttata 1920
tgttgaattt qacattttgt tgaatttca tggtaggcta gtgttggtg gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaac tttcttaatg gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgagtag gttattttgt atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaataa 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaaaa atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gcccaactaa tttattaatg 2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
aatatttttt atgatgataa aag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac                                     202
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```
ggtggtgggg:gggggggtgt tgggccaaaa gacttcggtg tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180
```

ttagttgctt catcagtagc acacttcacg tttctatacc aagccagctt cctcagtttt240
 cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgr.ct gtaatgcttc atgcagagag300
 tttgggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacco 60
 cttcggacag cttccccgtc caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
 ctgcactcag aagtctgcag cggctccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
 gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacaa 240
 gctccaggt aaggcggagg ctgctgggtg gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
 gtgccaggg ctgatatata ttggaaatat caccctgaa gccatcgctg gccccacct 360
 cctgtggact gatgccccag ggattcccac cccactctg caaccccagg tatccttcat 420
 tatccacccc atcccagact cccaccccag ggattgcccg tgaagacttt ggcctagcaa 480
 attg:gttg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
 ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
 agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttccagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
 tttgaagacc ccactgccac ctttatggac tggcccttt gactctgaat ccccgccctc 720
 tgtcacctga gacccaaccc ctactgtggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
 ttcagaaggc ctttcctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatcccattt 840
 ttaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgcctctggc 900
 ttctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcttttcaa 960
 ctttccaaa actggccaca gataggctgg ccattggga ggtctttgga tttcggggga1020
 ggcaaacgtg ggggattgt 1039

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	5
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	10
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	15
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84	20
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatttt gttttatttt 60 tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120 aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180 agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240 aattttcagt tcatataatg ttttcaggga 270	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	30
(A) LÄNGE: 330 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	35
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	40
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	45
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	50
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85	55
agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60 tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120 aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180 tattttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga240 tgatcaaatg ggtaaatttt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccogg300 atgttatttg gtcgggcca ggttgggaag 330	60
	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
atttaagtat_ttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggtca agtttccaac tgagtcacat tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

DE 198 18 620 A 1

gggaggettt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
 ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt taottatatc tggtagaatt120
 ccagtgatca gcctaataag gtatatattca gaataatttt tttttccttc agaataactt180
 agaatcaga 189

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
 cggggcatgg tggcttgtgc ttgtagtcct acttcagtcct aagtagctgg gactacaggc120
 acgtgccaca agccagccta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
 ccaggctcgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240
 tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300
 aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
 ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
 tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttccttca ctacctttct480
 tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540
 tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct togttcatt catgttattt tcaagtga600
 caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660
 ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
 agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tcctgatgt atagaatctc780
 cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
 ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agaccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact                224

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

ctccttgctc aacggaaaaa acatggaagg gtttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
acctttaggg cctgcgtcct ctgcctttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggagga180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctgctctgga ctctcagacc tgctgctttg300

```

DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccattttagt qgacaggtt ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtgacgga gttcccttcc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctatgacct600
gccaagggtt gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtc agacgaggtg ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttcttc actcctaact tttgacctg atggccaaag ccagagacgc780
aggccctaaa ggtaaaaacg tctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
```

846

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttgttg tggtagttat gcaaggctac atg 223
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
    tgcaatatat ttttcgcct tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggacg 120
    agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
    tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20  gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgagaa gatgcagacg gtgaccgcgc cggaggagga 300
    gcttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcagctg ggggtgtacg agtcggccaa 360
    gttgatgaat gtggaccocg acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
    ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cagcgtcctc cagtccttct gctgtgacaa 480
    cgacatcaac atcgctgcgg tgctgggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25  ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
    tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaa 660
    ccggggcaac aaccagtggg tcccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
    gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
    tcccccccag cacaaccccc ccāāaaacaa ccaaccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
30  cgttgagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggagg tgagcgccg caccagggc 900
    agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
    agacaggacc ccggaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg 1020
    ctgccgcctt ccccatcacg gaggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga 1080
    ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttga 1140
35  acttggttgg tccttgctcg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg 1200
    gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctatttt 1260
    gttacttgca ctgttatcc gaaccactga gacgagatg ggaagcatag atatctatat 1320
    ttttatttct actatgaggg ccttgaataa aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5

```

gctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120
ggcaggggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
cagccccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
aacaccaacc gcccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtagcaaa gctgcagaat360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgaggagga aggaggaccc aggacaggat480
ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggaacttatt cccgctgact gagtctctga540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaatc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
761

```

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

aggaagcta gtacgggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccagtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcag gtcctccag 120
cccagagccag aagacccctt ccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccaggtca 180
gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gaggttgccag aagccccgcc 240
cctaggagtg atcggaaagc ctacccatc cgggtgagga acccgaggga ccgcctccgg 300
gcgagagccc gaccatggct acgcccctgg tggcgggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360
ccgcggctag ctggcaggtt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgag atctctgagc gctgttggcc ctggcttggt tegtaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat gggcctaaaag gccaaagtgg tggtagagct gatcctgcag ggccggcctt 540
gggcccgaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccaaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaacttg 720

```

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcaatg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcctcagcaa caaagactag cactccacaa tccctgccaa aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaaact ctactgagcc1080
gacacttcaa tctggccctt ctaggccgac gaagagtcca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc cttaggaat ctgggtcac1200
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gactccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgccctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgattg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tcctgtctg tgcaactccg tcattaccat aggggacttg gttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaataacct accccttctt ggccacgggtg1620
ccatacctgt ttcttctctg gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgctctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaagtc caggcttggg ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttggt aaaaa
1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg cctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggcggggagg tggacgggg 60
55 taccggcggt cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggaagc gcgctgcggt 120
tccgggtggc ccatgtcgtt ctgcagcttc ttcggggggc aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg ttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctogaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtg cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttgggcc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcagg attctgaata 420
ttcagcagct cgtgaagtt tgtccctaaa ggcaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc acccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcaggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctccaaggc cccggctctg aacaagacct tttcgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatgggtca tgccttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

DE 198 18 620 A 1

gctgggtctct gaatgacgtt acaccctcac cttcttttct tggcctctgc tctggactct 840
cccctgtgag gcccaattcc aagacagact ctctctctca ccgaagctta ggcccacatc 900
tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc ccctgccage cgcctggcc 960
ctggtcactg catgatccgc tctggtcaaa cccttcagg ccagccagag tggggatggt1020
ctgtgacctg ctgggaaggc aggctgatgg ggcacaccct tggcctctcg tccacgagg1080
gagaaacctc aacctgttt cacaatctgt gcggaagtag cttgcctcac ttctgcttag1140
gaaagcggtt gttgtccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgacaccc1200
tgcaggaggc cccttcccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct1260
ggccatatag gaggtgggt gatgctgaaa tcacccccca tcttaagtaa ttactttctg1320
gagtaatcag gtggaaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaa 1374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc tccctgatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
gtccttttat gacacattcc atactgtgac tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
agtgttgaa actatcaatg cagcaattgg agtactacg tcaccggtgc tgccttctct 180
gatccagctt cttggaagaa attttatctt gtttatcacc tttggcacca tgggaagaaat 240
gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgtgg agtgcaattg aaattttcag 300
gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aagggtgctca catggcctcg 360
ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
gaaaatcaaa gttagatttt cctttttctc tcagatttat cttataatga tatttttagg 540
tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaactcg 660
attcttacag ttttaacctc ttgaaccaat gtaaaagtgt ttttaatgtt aaatgattaa 720
attctcagtg aggctatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
ttgtagtact tgcattgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
cagttaatga caccaaaagg ctacagccac cccaacctca tctcatgttc agtctgtcta 900
atacatgcca gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagttc 960
ttacagttga gatttgttct tttcagctat tgcttgtgaa aaaaagcaag actatgtcac1020
tctatagaag gctgttaaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080
acttgtttaa tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
acatttctaa gagtggggct agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200
catctattat tatagtgtc agcagtgtgg cattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260
aaactaatca gaatcttgga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactatttt1320

DE 198 18 620 A 1

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gaaaaaahj agattacaag trccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaattagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagatttgt1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggcacaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtgggtgggac tgtacatattt tgaatagacc tcaaaaatac ttcattctgc tgcgtgtcag1980
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaac2040
accgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc aaaaaagga gaactgaaaa2100
15 ttttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaag aatttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacataaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttgtttg tattgatttc tgatattctt gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcacctcctg ggcaaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaaccctt tattgtctgc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg
2615

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttccggt gggcctccat cagcaagctc cagtgtctacg. 60
tgtccctggc attttaggtg tcggttgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct gggtaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcattgg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggt300
gctgaataca ttttggaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaacaa gtgtgaggg360
gtgagaaact cacagaatac aaatttgcct gtatgttttg tgggtttttt tttttccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcgggccgc aatttagtag tagtaggc
508

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98 30

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaggggaag ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaaggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggg 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaatgtcga agaaagtgtc tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggtttcct ttggtttata tccccagttc ttaataactaa aacttatttg acttctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcatttaaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccctccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttccagcca ggcattttaga tcactcttaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc cctccctgt aggggtgggc 840
gcgtgqctca gctttgaaa atcattttgc cagtaattat gcctgtgaat cctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttotga gcactttggg gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaaaa 1020
agtttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggg ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc aggggaaggt gaggctgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtgtcga agtaaaaagg agacttgagg ggcctttgct taatgagcaa gaggcttggt 1320
tcctcccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc 1380
cgctcacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttag ctctgagaat ctactcttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgtcaggg atcagaaaac tcagagtcac 1560
gggcccagtg gcatggtgtt gcattagtag tttagaaaag aattggtcag ctctactgtal 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaacctgg tgataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaagggaag caagaatatt 1800
tcagggtgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agagggaagt gaaggccagt agtagcatct tcatacttac tttgcccagc 1920

```

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1990
ctctgaggag gcagtggagg cccaccttgg tttgtctccac tgtgtgtggt agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt. tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaagg ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccctt ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccggtg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gtttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt ttccctcatg ctcatatggt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtcccctg gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccaccca ggaaagcaaa taagtttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgttttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagagggt2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttgtgctggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccagga tttaggagct acccaacctg tgggtatatg gtgttgggtt ccatTTTTTg2880
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctcagggtcg gccctctccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaaagt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttgggt coagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgaggtgg atgtcctcag gcttcttca cacctccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgttgaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccaggtttgg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcttc3240
tctaagaac aggccagcca cacatataac ctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttacccctg ccatctagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac caccctcata tccactcct ttttgtaaaa acaaatgttt3420
aaacctgtga gccctgccgt cctttctatg tgtaaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtaggt tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3588
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaataat tgatgggaca cttgggtgtt 120
gtattgtatg agtatttggg cctgaagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttggagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```

DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcaccccat cttaaagaac agacatgaaa aagbacaaga gaattgtatt 300
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgc ttagactttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttgggta tattgcaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaaagt tcaagaaagg cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgtttaaatt cgctttcctt ctgttttgaa 660
tatattgttg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagacctgtg acacagacag acggctagt cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttgttgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tctcatgtat attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccggg aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattgggtcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccgggtta tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttgggtgtt1140
aatgcccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg

```

1218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccttga gttgggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt ttagtagacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgttag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttctgg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt ctgtctcttg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggacct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg atacccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaatta cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
atttgtgata taatgtttta tatttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaatggt actgtattgt ttatatttgt 900

```

DE 198 18 620 A 1

accccaaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt qcattttgtgc eggatttcttt 960
 aggcctttatc agtgaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaattt1020
 tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
 tttccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatatcc aaaagaatgt1140
 aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
 agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaagt1260
 atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
 actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
 ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagtta agggctcctt 180
 tcggatctac cctctgccgg atgacccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
 attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggettga 300
 gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
 aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
 gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
 ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
 attcctttcc cgttttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
 caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaatgtcg ccagattcaa 660
 aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
 ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
 agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
 aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
 ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca cccccggaa 960
 agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
 gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggca1080
 tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
 taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
 gaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
 cattcagata tgggacaatg acaagtttct tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
 tgacttgagt cacacgatca ttctgcgaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
 tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctcctct ttgagcagaal1440

DE 198 18 620 A 1

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
 gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggcagcgg1560
 gaaggggcgg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatc gaccagaaac1620
 ctcttccctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggcgcccgtt1680
 taagtgggtc atcatcggtc tgctgttccct gcttatoctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
 cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
 gcaaaggcct catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
 atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
 gcccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
 atcatgttat ctcttaagta taaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
 aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
 tctagacttc agcttttga aattgtctaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
 gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
 gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata tttgtatgg atgtcataaa2280
 agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

cattactgtt atatgagaaa catttttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
 aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
 ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180
 ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaattttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
 agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcatcagt ctttcagaac 300
 aaaaagacag tcatctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttggg 360
 catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
 caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
 ataaacttct tgttcaaatt accagcatca gagagcttcc catttgcac tagaccttga 540
 atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat toaccaataa 600
 cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtga 660
 tcagtaaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtaggttt tccctgtagt 720
 tcttccttta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaa actatctatc 780
 ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
 atttgaggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
 tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttataa tctagaaga1020
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca tttttaaagt gaaggattca tagcacagat1080
 tacttgccca agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaaga1140
 5 ttagtcccca aattcagtgt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200
 gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320
 ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcatgtaga agttataaag cagagta 1377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
 gtgttgaggc aggacaggca cttagtcttg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120
 cggggttaac caccactcct ttaggctact tgtagtgaca acagaagtaa aatatttcaal80
 45 ttatttaatt tagaatgta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
 attgacaggc ctttt 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc	caactgcactc	catcctgggt	gacagcaaga	tcttgtaaaa	aaaaaaaaaa	60
aaaaaaccag	gagtgaaaaa	ggaaagtaga	aggcagctgc	tggcctagat	gttggtttgg	120
gaatattagg	tgatcctggt	gagattctgg	atccagagca	atttcttttag	cttttgactt	180
tgccaaagtg	tagatagcct	ttatccagca	gtattttaag	tggggaatgc	aacgtgagggc	240
caactgaaca	attccccccg	tggctgcccc	gatagtcaca	gtcaagggtg	gagagtctcc	300
ttccagccag	tgacctaccc	aaaccttttg	ttctgtaaaa	ctgctctgga	aataccggga	360
agcccagttt	tctcacgtgg	ttctagctt	cttcagactc	agcccaaatt	aggaagtgc	420
gaagcacatg	atggtgaaaa	acctaggatt	tggcagcctt	ccagaatggt	atggaatctg	480
agggaagatt	tatgtttcgt	tttggaggat	agctcaagtt	gaattttcct	tccagccagt	540
taccttttca	acctacccat	actttgtaca	actcttacac	aaatacttag	atatttatta	600
gatagccctg	aattcactct	aattataaac	agggagtgt	aactgcccc	agatgttcc	660
gggctgggta	aaagcagctg	gagtgaagca	ctcattttcc	ataaaggtaa	caaagggcag	720
ctcagtgggt	actcaagctc	aaaagggttt	ttttaagagc	aagcattggt	taagtctgtg	780
tatactgagt	tggaagtgat	ttcagcacat	tcttttttag	tggagtga	gttctgaagc	840
ccccttttaa	cttccctttg	gtttttcatt	ataattggt	gccatctcat	gaactgtctc	900
tgactgttgt	ctctttgtgg	tcattgtgatt	gtgagcttgc	ttctgactt	gcatttctga	960
ctttatcctg	ttgttaggaa	gatagaaact	aggttttgaa	agattacatg	attcaagcga	1020
gggattttta	agtaaaagatg	tatttattct	gaagaatcta	aaagataaca	gattatttgc	1080
ttatgaaaga	acaatatagt	ctgggaatcc	cagaatgtca	agccaaaggt	ctaagaagtc	1140
atctccttca	aatactttta	ttaaagaagta	tttcgaggag	atatctgtcc	aaaaagggtt	1200
gactggcctc	cagattccag	ttatttttaa	aaagcaactt	accactaaat	ccttgagtct	1260
ccatagagta	acagtaaa	aactgatgta	acagactctc	ctctcaaagg	atctcctctg	1320
gaagagacta	tcagcggcag	cattctccag	ggaagaccca	tcccctagt	ccagagcttg	1380
catcctggag	actaaagatt	gcactttttt	gtagtttttt	gtccaaatgc	aatcccattt	1440
ctgtgcctct	tagcatgcag	ttagatttgg	acaaacaaga	ttcctaagga	atgactttat	1500
taactataat	atggtttacag	ctattatata	aatatatatt	ctggttatag	ttctaataat	1560
gagatgttgt	gtgcaatgct	ggcctgtggt	ggtctgtgta	atgctttaac	ttgtatggag	1620
gaggccaggc	tcagagctga	gatgtggcct	gaaccttccc	tgtatcgatc	ctttaattta	1680
gaactgtcaa	gatgtcactt	tctccccctc	tgctttttag	tggtatctga	catatactca	1740
aaacagtaat	ttcctgggtca	catcattaac	tgctaattct	gtattttata	agaattttca	1800
gatggacatg	tcacaaattg	aactcaaacc	atccccagtc	cagatacagg	gcagcgtgta	1860
ggtgaccaca	ccagagcctc	cttctcagcc	gtcgggatag	gatccaggca	1920	
tttcttttaa	atctcagagg	tagcagtaaa	cttttcagta	ttgctgttag	caagtgtgtg	1980
tttgccaata	gataccatt	atactaatgt	gccaagttaa	tgttcattgc	acatctgctt	2040
ccactgtgtt	cccacgggtg	ccatgaagtg	tgtgaggagc	ccctcatctg	gagggatgag	2100
tgctgcgttg	actactgcta	tcaggattgt	gttgtgtgga	atattcatct	acataaattt	2160
tatatgcaca	gtaatttccc	tttttatatg	tcaagtaact	atttgtaaaa	gttatactca	2220
caaattatta	taatgattac	taatataatt	tttccatgtt	tcattgcctg	aataaaaaact	2280
gtttaccact	gttaaaaaaa	aaaaagtaaa	aaggaggagg	tgggaaaaaa	aagctggggg	2340
ggggggcccg	tagcc					2355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcagc agcatgaaac atgctcattt tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatatctgtt aatagctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttccctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcagt aatatcaaat cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcaacttttt tatcaggcctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtgtttggt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcotta atgtctgttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatactt tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatitttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt tttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ctttatttaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattatc 960
   tcttcaaatg ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg 1020
   aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc 1080
   tcagtgaat aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta 1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaa tcaaatagaa tcttatactt gtatgttaaa 1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcgt 1260
   tctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttc 1320
   ctgttcccaa gtgccttgt
                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc	ggccttttga	atctatttgcg	caaaagaagt	ttcatttttg	ttacttagac	60
ctaagatcac	ttattaaaaa	tccttatttt	ctccaagccc	agcaaacggt	gacttctggg	120
caaacctgaa	aacctgaaaa	tgccactttc	atgcagtttg	tttgaagtta	agtggaaatcc	180
tttcaaata	cgagctgcag	agaactcagc	accaagggtc	gcctatctgt	agatagctgt	240
aaaatggaat	atcttttaaat	gaaggcaaat	aagtacttaa	aagtgcagctg	agcaataaaa	300
tggtccaata	ataggttaaat	gcaacagaaa	cagaaggaga	cctgggtgcc	ttatgccttt	360
actcttacat	ggaataaaat	cccaatgcat	atcctatgta	aaccataagt	gaagggaat	420
aaacctcgtc	atgctccatg	ctgtgaggtg	tcctttggat	attctgtgat	gacagagaag	480
cctattttgt	tttgttttca	gcacttttct	ctgatgtacg	tttttaagga	ttttgtaaga	540
gctgttttca	gtgttttaaat	tagtgcattt	tttccttgtt	tttaaaaatg	aatctcgtac	600
tgtatcttac	tatgtccata	cagatgttac	aaatcgacag	ttttattctt	agactcatgt	660
gatccaagct	gttatatacca	tatatataaca	ttttacatga	atcatttagt	tttttaattc	720
atttactaat	gctataaaat	ttcctataatt	accccagtaa	tttgcacag	ctgggtttata	780
tactaaagca	acatgttttg	atgagtttct	tacatcctta	tcgaggaatt	gggttaggaa	840
aaaatacata	attgtaaaac	tgagtttgct	gtattatact	ttttttcttg	agtattagtt	900
gtattactaa	tcataatgtt	attaactgtc	tacttaaaagt	caaggtacct	gtatttttaa	960
tccactaat	tttttttagt	tgggaaatag	atttcagggtc	ttttattaga	ctaactttt1020	
ttgagaagta	aaattgactc	catatacaaa	gcctgtaatt	ttaggcgaaa	tggaagcaga1080	
aatctagga	gtgtgtcttg	cttgtatgtt	gagtttggtc	tcagactaag	taatgcacall140	
gaattcatct	gtttgaagcc	tgaaataaatt	taggactctg	attcactgac	caaaagtcag1200	
tggtgcagaa	atttctctac	cccgatgggt	attttgttag	attgttcaac	aggaagcaca1260	
tgattgagaa	catcttgga	cagacaaaaa	ccactgacag	atggcaaggc	tcggcgattc1320	
tgatttccct	tctcaaatct	gctcaactcc	aagagtcttg	agaaactgct	aaaattttgc1380	
ctctgtcaet	caagtcttac	aaatgttatc	ttgtaaacct	ttgaggtgaa	ctattccact1440	
gtctgttaca	taggcactct	attcactgca	ccctgtcaca	cccagcacc	cccgcgccgc1500	
acattatttg	aaagactggg	aatttaattg	ttagggacag	taaatctact	tctttttcca1560	
gggacgactg	tccctcttaa	agttaaagtc	aatacaagaa	aactgtctat	ttttagccta1620	
aagtaaaagg	tgtgaagaaa	attcatttta	cattgggtag	acagtaaaaa	acaagtaaaa1680	
taacttgaca	tgagcacctt	tagatccctt	ccctccatg	ggctttgggc	cacagaatga1740	
acctttgagg	cctgtaaaagt	ggattgtaat	ttcctataag	ctgtaatagt	ggagggtattg1800	
tggtttcatt	tgagtaagcc	ctccaaagat	accattcaaa	taacctggga	gaatgtcata1860	
aattattcag	ataattaaca	ctgcatgaat	ctgattcaga	ggcatgcatt	tacatatgtt1920	
gccctaatta	ccatttgatg	atcataaata	caagtgaatg	acattggact	tttagtaaca1980	
aacttaattt	ttaaaaaggt	gtagacaatg	gtggttaaaa	aaaaaaaaaa	aacaggtacc2040	
aggttctgtg	tgtttgaccc	aagtaattga	catgtttttt	gtttaataca	tgtggaccat2100	
gaacagtatt	cattctactt	tttcaaatga	tatgctgtag	aaaatattcc	ttgaagatgt2160	
gagatttaaa	aatttttccc	tttcaatgtt	gttttaattg	tatttcttac	ttgggttttt2220	
tgattgatac	cacagtata	aatcataata	ctagacaaaa	ttgtcttctc	tttcaaacca2280	
gagccataat	tatgtatgta	tatatgggac	ctactgcttc	tctgaggaaa	tgcataatct2340	
gttaatatca	gacaaaatga	gcaattggca	gtgctcataa	tatatcccaa	tttttattgg2400	
aattttcgat	ggaatgttat	ttcaataaag	ccatgtaagg	tgaaactttg	ataacttttt2460	
actcttcaag	ttaggttaa	ttctgatcca	atattcaatt	cattttgtgt	ctccacatg2520	
caaaatgcta	atttacaatg	cagacattaa	gaaaaagtat	tgactggagg	gggtgaattc2580	
cttgagaatt	tattttatag	tctaaatcac	aaatacttta	ctcaatttag	tttttaaaat2640	
agtaaaactga	atatttttgt	tgtaagccta	tcagagtcaa	tccttcgttt	ggaattgttt2700	
tcctgttttt	ccttactata	aatcatttta	aaactgaatt	cattttctta	gatggcataa2760	
gtctgtctct	tgagaaataa	gtaaaatact	cctattttca	gtatctgtag	cacctgaaat2820	
aggtctttgt	atagccagaa	acaagttatg	ttgaagttag	cttttctttg	tcaacagttt2880	
tggaacaata	aaatctgaaa	gtattaacac	ttgattttct	actggggccc	ttcaaacttg2940	
gttggaagaa	attcaaccag	aatatctaca	ttagagtata	atcatgtgtg	gtaggaagat3000	

DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaatTTTTtg tgatttt+tt ccaagccagt 3060
TTTTTTAAAT tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt atttGtaatg taaactatta 3120
tacaactggt tttgcgactt tataggcagg taaatTTTgc tattactatt gaatacaaat 3180
5 gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca ttttagtgaca aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
attttttaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaag acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaaag atttttgttc ttcctgttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgt gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaa 3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
15
3751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcgcccc ccgcggagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgaccta cgatgacatt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
accccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc	cctccccc	ccctggggcc	gccccagggg	tcctgcgcac	tgctgttcc	60
tcctgggtgt	cactggcagc	cctgtccttc	ctagagggac	tggaaacctaa	ttctcctgag	120
gctgaggag	ggtaggggt	ctcaaggcaa	cgctggcccc	acgacggagt	gccaggagca	180
ctaacaqtac	ccttagcttg	ctttcctcct	ccctcctttt	tattttcaag	ttccttttta	240
tttctccttg	cgtaacaacc	ttcttccttt	ctgcaccact	gcccgtaccc	ttaccgcgcc	300
cgccacctcc	ttgtacccc	actcttga	ccacagctgt	tgccaggggtc	cccagctcat	360
gccagcctca	tctcctttct	tgctagcccc	caaagggcct	ccaggcaaca	tggggggccc	420
agtcagagag	ccggcactct	cagt,tgccct	ctggttgagt	tggggggcag	ctctgggggc	480
cgtggcttgt	gcatggctc	tgctgaccca	acaaacagag	ctgcagagcc	tcaggagaga	540
ggtagccgg	ctgcagggga	caggaggccc	ctcccagaat	ggggaagggt	atccctggca	600
gagtcctccg	gagcagagtt	ccgatgccct	ggaagcctgg	gagagtgggg	agagatcccg	660
gaaaaggaga	gcagtgtcca	ccccaaaa	gaagaagcag	cactctgtcc	tgccacctgg	720
tcccatatac	gccacctcca	aggatgactc	cgatgtgaca	gaggtgatgt	ggcaaccagc	780
tcttaggcgt	gggagaggcc	tacaggccca	aggatatggg	gtccgaatcc	aggatgctgg	840
agtttatctg	ctgtatagcc	aggtcctgtt	tcaagacgtg	actttcacca	tgggtcaggt	900
gggtgtctga	gaaggccaag	gaaggcagga	gactctattc	cgatgtataa	gaagtatgcc	960
ctcccaccgc	gaccgggcct	acaacagctg	ctatagcgca	gggtgtcttc	atttacacca	1020
aggggatatt	ctgagtgtca	taattccccg	ggcaaggggc	aaacttaacc	tctctccaca	1080
tggaaacctc	ctgggggttg	tgaactgtg	attgtgttat	aaaaagtggc	tcccagcttg	1140
gaagaccagg	gtgggtacat	actggagaca	gccaagagct	gagtatataa	aggagaggga	1200
atgtgcagga	acagaggcgt	cttcctgggt	ttggctcccc	gttcctcact	ttcccttttt	1260
cattcccacc	ccctagactt	tgattttacg	gatattcttg	ttctgttccc	catggagctc	1320
cgaattcttg	cgtgtgtgta	gatgaggggc	gggggacggg	cgccaggcat	tggtcagacc	1380
tggtcggggc	ccactggaag	catccagaac	agcaccacca	tctaacggcc	gctcgagggg	1440
agcaccgggc	ggtttgggcg	aagtc				1465

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgcgcgcg 60
ctcggccccg ttgcccgac tttcggcgcc cggacgcctc tttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggcgagc tggtgcgct ctgccccacc acgtcgcgcc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtgg ccaggtgccg acggaccccg gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccgat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgtcgctacc gcctgccgc tggtgtggat ccggtgcgc tgacgtccgc 420
gctgtcccc gagggcgctc tgtccatcca ggccgacca gcgtcggccc agggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtag agggggtgg gccgcgcgc caccocggga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccagat gcgccaagga 600
ctgtcctctc acccaactct ggattctgcc ctgacctcca tcttggaac tgccttgata 660
acatagacc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagctttc cgacccccaca 720
ccgacaactc cccggcttcc agaccctacc agcaactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gacccaattt cttggcatat agccccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtctggact gcacagacct cccactccag accatccagg cctggttccc1020
aagaccgat ccttccccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccatttttc1080
tgccgtgaca cccagccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaaact1140
cttggaacc aggcgaacta gaacacccaa caccaaaactg tacagactct cccacccccaa1200
cctccccaga ctctgcacgg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agacccccatc1260
ccctaagtc cctttgtctt gacccccaaag tcttcaacca gatatcctcg gcaaccacc1320
tcccacctc cctctctct ccttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcg ccggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5

```

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggtcatt ttatgttaag120
ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttccagcaaac180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtga ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata ttgttatgt360
agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggctaa420
ctcagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
ctagttttcc atgctgtgtt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggatgggtt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720
agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
gct
783

```

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
acccccgctc cgccaacttt cctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgctcc 120
cgccacacc ctccgtcccc cagtccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
cctcccagca gccgggccac caggatttct acaggggtga tgggcagccg tccaccaaac 240
actacgtgac gagctaacgc cagcagggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
cccggggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcttc gcctccccctc 360
ttcctcattc cattgccca ggtcttttcc ttttgatttt tgttttggtt ttgggtttgt 420
ttttgatttt tttttattat gaatctctg gaacagagg tgacagtggg agctggcctg 480
ggccaggacg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt ctcttttttt cctctactcc ttccccctca caccocctg gctggaagga 600
acctcggtct cctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccgg ggaggaacgc 660

```

55

60

65

ccaggggcccc gggcttgttt ctctcttctgt tttctttttg ggcagtttga tcartgateg 720
 agtaaggaat gaccttttaga ttgtgcgact tttgtttttg tttttttaaa tttttttaaa 780
 ccaagaatga tttctctctgc ttctttctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
 5 cactttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
 ccctatgtcc aggaaggagg aaaaggaaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
 aataataata atattaataa taataaaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
 gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

cacactcact gccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
 gcaagagggc tgcaccttag gttctgaccc catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
 45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcggcccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
 agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtggt gtggtggagg atgtccaaa 240
 ccgggatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggt gtcaggagag 300
 tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
 aaaagccaaa ggggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
 50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
 aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
 taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
 gagggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
 ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
 55 aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
 taaggactcg gcatttgtcc acagtcagac tgcaagagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
 ccgtgctggc tgtagccccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaag 900
 cggaatgga ggggtggaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatctgc 960
 tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
 60 ttcatagtag gcaagaaaaa ttatttgcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg 1080
 cttgactgt gcaaagggt tagctaagtt atcgagctta aaaccggtca attaaacaaa 1140
 cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
 aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaatttaa tctggaagag 1260
 aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
 65 cgggttcagt ccagaaggg cacaataatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
 aaaaaa 1386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113 30

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggc gctgggtccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctccc gaaaacataa cacatatact tgttcattgg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtggt agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtgga gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatccc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtcctctc ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccctt tgtgatcccc gagaatgtct tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaattg aggggaaggt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccg cagagcgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgtct gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt1020
gtttgttttag aaaatggaac atggacatca cctoctatct gcagagctgt ctgtcgattt1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaattgctt gttcctgtcc agagggtctg1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt1200
gtggcccttt accagtgtga ctgccgcctt ggctggacgg ggtctcgtct tcatacagct1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatgggtgga aaatgtgtta gaccaaaccg atgtcactgt1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc agggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttggtact1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc ctgtgacat actttcttac1560
atgtttccat ttttaaatat gcctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct1620
gctctaccct caaaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtagacat1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttctac taaataaaaa1740
aaaccgc
1747

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggcgggga gcccgggggc cggagccgcc 60
cggccgaggc gtggggggtg cggggccggc ccatcogtg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcccca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccccg agcagccaca gcagcogctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctctcaacg gctccatgag gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgcgggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca ccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc ttgctgggac ctctctctgt tgggggtccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaacccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgcoctgccc 840
agaggacatc gccaaaggaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggogtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgctgaggc cctggaagcc caagtgtgtc cagattcca gccacgggtc 1080
ctgcagggtc aggccaggt gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcagggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcagggtga gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca tttcacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttcagg cacagggagc ttcttcggg cgcggtgttc 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc 1526

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcctctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggaactcaa 60
tggatacaac agaagaaaac aaccacaaat ttttgaaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
atcttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaactc caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tgggtcagag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccgc 240
gggggggacc atgtgcctgt gtcccacgag cagccgagag ggggggagga cgtgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggccgg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgpcctgat gtccaggtda acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccacgc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tggccacag cgggcagctt 600
agacaggcgc ctgggacctc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tcctcgccca gcagcaggct tgtctcagcc gcacccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggtttca tgtctgaggc cctcaccaag tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcactcgttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgacg 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctgggtcac tcccaggctc aggtcgggga gctgctgctg 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcgat gctgctcatg gtcccaacac aggtactgtg gagagccagc 1080
atccaaaccc acgcttcgag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaa tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

1205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3968 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15  ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
    tctgcttttt ctctggaaaa tctttcattg ctttttggtg aaattttacct agaggttaca 120
    accacaggat gtagcttggt ctcttatttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
    aggataaagg aaaaaagcaa tctattcatt atataacaca gttgtttgta ttacttggtc 240
20  cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaacca 300
    aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
    atagcattta aagagcggca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
    tgagatcatc ggcttaaaa tatectagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
    ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttcctgt tggacaggtg 540
25  gcaatcttag cagagccact atttgagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
    gccttctggt catcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcattgtcag 660
    gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
    accatacagt cccactttat agaagagggg ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
    agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtggggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30  ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg ccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
    ggttggggcc aagggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagttagacc tccagacgtc 960
    agcctccctc ccattgggta cattttcaat ctgagtggtt ttgccttagc tgtgttggtat 1020
    ttgacttgat tgggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgttttagttt 1080
    ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt 1140
35  cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt 1200
    gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa 1260
    tgaaaaaggt cattacagtc actgactttc tgcaggacct taaacatttc tctttccaca 1320
    agtttccctc taatcatgtg tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga 1380
    atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc 1440
40  atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat 1500
    ctgagcattg ccacittaat cttagaattt ttatcatttt gacacatcct gttttttaga 1560
    gaggaataca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaaagc ataccttggt aggaacgtgt 1620
    tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat 1680
    atttagtatg attgtagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa 1740
45  ttttcacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct 1800
    ttaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag 1860
    gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc 1920
    acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aaggggtag 1980
50  actaacgtat gtgagacat tttcctatct gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaaggt 2040
    cattcggtct ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctctc 2100
    taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaaataaag 2160
    gcccttggtc gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat 2220
    tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg ccagcaggc 2280
55  agggcatttg aagtcattgt catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaaatgc 2340
    taaaatgctt ctagagggaa gtgctggggc gtgtgctcat tctctttaaa atcagggttg 2400
    ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa 2460
    ccaacactgt attcccagaa acatgacctc cgctgggtctt ggggtccacat atcattggac 2520
    tctgggggac acaaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt 2580
    ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaaggcca 2640
60  caaagcaggc taataaatc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc 2700
    cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct 2760
    atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatct 2820
    ttttcttgat gtctgcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct 2880
65  gtggtatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga 2940

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtgc tcccaagtat acaggggaga3050
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aattttttatt ttttggttcc aatgttaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggata catagtcaag atatacataa gacctacttc ccagcctacc tttcttctc3300
tacctgataa tgataaact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttggt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgactttg gcctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgagg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaaaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaa tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccctgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg
3968

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttccataggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtggtgat tctgggaatt ttacctgct cagtatttgc cctagggtac tagaaaggag120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctogtgtaga agtggaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc ttttgccca ggcttgccca gagccgcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagtgag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccg ggcttgccag caagaaggca gtggaggaa540
ttgectacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggtgtggg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcatagac agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
tggaagccac acagaccagc aacttgttga atgacagttt tgaccacaga agaataatcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt_cagaggaa
798

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

ccccctctctg tgactcagtc totgagcgtt ttaatacgtat ggtgtccccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggcttcg tgggtccctga tgggagagca tgaacaggtg 120
gtatgtgaag cccttgagga ccagctcttc caaagtcaaa gccaagacca ttgtgatgat 180
tcccgactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcagtgaac atgttgagga aggagagctg 300
cttgacagca atcaagattc agcagcttga agaggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gagcacaagt ggggcatgga gcagggccgg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac agtgaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgaccttc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcaggt 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgcctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtgata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgctcggggg cctgtcccaa ggcctcgagc ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
ccttttcagca agagcgcgcc ccccttccca ccgccttgag cagccggggc tgctctccct 1020
gaagaccctt ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4584 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

ctcgagccgc	tcgagccgcg	gaagtaattc	aagatcaaga	gtaattacca	acttaatgtt	60
tttgcattgg	actttgagtt	aagattat	tttaaatcct	gaggactagc	attaattgac	120
agctgacca	ggtgctacac	agaagtggat	tcagtgaatc	taggaagaca	gcagcagaca	180
ggattccagg	aaccagtggt	tgatgaagct	agggcttg	gcaagagggc	aagcagcagt	240
tggtggtgaa	gataggaaaa	gagtcaggga	gccagtgcca	tttggggaag	gaagctagga	300
agaaggaaag	agcgcctaag	atttgggtgt	gaaaagagga	attgggagtg	gtaggatgaa	360
acaatttggg	gaagatagaa	gtttgaaagt	gaaaactgga	agacagaagt	acgggaaggc	420
gaagaaaaa	atagagaaga	tagggaaatt	agaagataaa	aacatacttt	tagaagaaaa	480
aagataaatt	taaacctgaa	aagtaggaag	cagaagaaaa	aagacaagct	aggaaacaaa	540
aagctaagg	caaatgtac	aaacttagaa	gaaaattgga	agatagaaac	aagatagaaa	600
atgaaaatat	tgtcaagagt	ttcagataga	aaatgaaaaa	caagctaaga	caagtattgg	660
agaagtatag	aaatagaaa	aatataaagc	caaaaattgg	ataaaatagc	actgaaaaaa	720
tgaggaaatt	attggtaacc	aatttat	aaaagcccat	caatttaatt	tctgggtggtg	780
cagaagttag	aaggtaaaag	ttgagaagat	gagggtgttt	acgtagacca	gaaccaattt	840
agaagaaatc	ttgaagctag	aagggtgaagt	tggttaaaaa	tcacatcaaa	aagctactaa	900
aaggactggt	gttaatttaa	aaaaactaag	gcagaaggct	tttgggaagag	ttagaagaat	960
ttggaaggcc	tttaatatag	tagcttagtt	tgaaaaatgt	gaaggacttt	cgtaacggaa	1020
gtaattcaag	atcaagagta	attaccaact	taatgttttt	gcattggact	ttgagttaag	1080
attatttttt	aatccttgag	gactagcatt	aattgacagc	tgaccaggt	gctacacaga	1140
agtggattca	gtgaattctag	gaagacagca	gcagacagga	ttccaggaa	cagtgtttga	1200
tgaaagctag	actgaggagc	aagcgagcaa	gcagcagttc	gtggtgaaga	taggaaaaa	1260
gtccaggagc	cagtgcgatt	tggtgaagga	agctaggaag	aaggaaggag	cgctaacgat	1320
ttggtgggga	agctaggaaa	aaggattcca	ggaaggagcg	agtgcatttt	ggtgatgaag	1380
gtagcaqqc	qcttqqcttg	gcaaccacac	ggaggaggcg	agcaggcggt	gtgcgtagag	1440
gatcctagac	cagcatgcca	gtgtgccaag	gccacaggga	aagcagtggt	ttggtaaaaa	1500
tcctgtaggt	cggcaaatat	ttgtttttct	ggaacttact	tatggttaacc	ttttatttat	1560
tttctaatal	aatgcggggag	tttcgtactg	aggtgtaaag	ggatttatat	ggggacgtag	1620
gccgatttcc	gggtgttgta	ggtttctctt	tttcaggctt	atactcatga	atcttgtctg	1680
aagctlllly	gggcagactg	ccaagtcctg	gagaaatagt	agatggcaag	tttgtgggtt	1740
tttttttttt	acacgaattt	gaggaaaacc	aaatgaattt	gatagccaaa	ttgagacaat	1800
ttcagcaaat	ctgtaagcag	tttgtatggt	tagttggggg	aatgaagtat	ttcagttttg	1860
tgaatagatg	acctgttttt	acttcctcac	cctgaattcg	ttttgtaaat	gtagagtttg	1920
gatgtgtaac	tgaagcgggg	gggagttttc	agtatttttt	tttgtggggg	tgggggcaaa	1980
atatgttttc	agttcttttt	cccttaggtc	tgtctagaat	cctaaaggca	aatgactcaa	2040
ggtgtaacag	aaaacaagaa	aatccaatat	caggataatc	agaccaccac	aggtttacag	2100
tttatagaaa	ctagagcagt	tctcacgttg	aggtctgttg	aagagatgtc	cattggagaa	2160
atggctggta	gttactcttt	tttcccccac	cccocttaat	cagactttaa	aagtgttaa	2220
cccocttaaac	ltgttat	ttacttgaag	cattttggga	tggtcttaac	agggaaagaa	2280
gagggtgggg	gagaaaatgt	ttttttctaa	gattttccac	agatgctata	gtactattga	2340
caaaactggg	tagagaagga	gtgtaccgct	gtgctgttgg	cacgaacacc	ttcagggact	2400
ggagctgctt	ttatccttgg	aagagtattc	ccagttgaag	ctgaaaagta	cagcacagtg	2460
cagcttttgg	tcatattcag	tcatctcagg	agaacttcag	aagagcttga	gtaggccaaa	2520
tggtgaagtt	aagttttcca	ataatgtgac	ttcttaaaag	ttttattaaa	ggggaggggc	2580
aaatattggc	aattagtttg	cagtggcctg	ttacggttgg	gattggtggg	gtgggttttag	2640
gtaattgttt	agtttatgat	tcagataaaa	ctcatgccag	agaacttaaa	gtcttagaat	2700
ggaaaaagta	aagaaatc	aacttccaag	ttggcaagta	actcccaatg	atttagtttt	2760
tttcccccca	gtttgaattg	ggaagctggg	ggaagttaaa	tatgagccac	tgggtgtacc	2820
agtgcattaa	tttgggcaag	gaaagtgtca	taatttgata	ctgtatctgt	tttccctcaa	2880

```

5 agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttgggtctggc ctactgggct2940
gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgttttg atatyytagt gtgtgggttct3000
cttttgggaat ttttttcagg tgattttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
atgcagagaa aacagctcct tgggtgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300
gcatatgccca aaaaattttta agcaaagtga agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10 attttaaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaaata3420
caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
aagaaatgaa aatgtttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600
cagacaggta tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15 gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcctctgca gtattgcatg ttagggataa3720
gtgcttattt ttaagagctg tggagtctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
gacttggtcc tgtgggcttc agtgatggga tagtacctt cactcagagg catttgcatc3900
tttaataaat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
20 ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaaat agcatgatgt gctgttagaa4020
tcagatgtta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
cattcaaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaaag ctgtctcctt4140
atttaaaataa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
tctctaactc ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25 agcggaagaa cgaatgtaac ttaaggcga gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaaggt aattacacat tttatttcca4440
gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga ttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
30 tttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc ttagagtggg aggcaatgtt ttacactatt4560
gaccttatat aggaaaaaga tgag
4584

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

65 gtggagggga ccttgtgggt agcagcagct atcgagcgt cggatgttca gagcagcaga 60
agccggcgtc gtggatgtt gtgttgcccc ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

DE 198 18 620 A 1

atggatatgg aacttgaac tctgggacaa atagaggcta cgagggtat ygtatggct240
atggctatgg ccaggataac accaccaact atggglatgg catggccact tcacactctt300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa acactagtgc ctccggtagc gccagtgcg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgct tagatatggt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcaggtg gagaaaggta tgactcttat ggtcctgcg480
actcgagggc cgtcctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggtatgac tacagcgagc540
ttgagccctga gatgaaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagttcc600
gcatgcgtgg caacgaacacc ttcgggtcca ggccacaggg ctgggcccgg gatgcccga660
gcggccggcc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720
gccagtgcac gtctgtgtgc tctcggcttg cctccctct tctcccagaa catcatcccc780
gagtacggca tgttccaggg gcatgcgagg ttggggcgcc ttcccggcg gcttcccgtt840
ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggg cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttagcaaa gcagccggaa tt 982

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 742 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

ctcaacttgc cagcactgcg tgccccaagc cgacgcagcg gctactctc gcactgcaga 60
cggggaact gagccccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120
ccgcccccg ctagccccgc cctggcccggt aagaagcacc cggggcgcg ggcgaaggcg180
cacagcgcg ggccaggetg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300
gctgcagaag cggcacgcgc gcgtcacogt caagtatgac cggcgggagc tgcagcggcg360
gctggacgtg gagaagtgg tgcacggcg cctggaggag ctgtaccgag gcatggaggc420
agacatgccc gatgagatca acattgatga attgttgagg ttagagagtg aagaggagag480
aagccggaaa atccaggagc tctgaagtc atgtgggaaa cctgtcgagg acttcatcca540
ggagctgctg gcaaagcttc aaggcctcca caggcagccc ggctccgccc agccaagccc600
ctcccacgac ggcagcctca gcccctcca ggaccgggccc cggactgctc acccctgacc660
ctcttgcaact ctccctgccc cccggagccc gccagcttg cttgtgtata agttgtattt720
aatggttctg taacaataaa aa 742

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggaacaa gttgttttaa taggaatatag acctgcgtgc ttcataaggtt tctcaacca 60
   cctttcctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacacca aatagcagac 120
   taatcgtttt tctgcttagc accgtctggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaaatt tctcgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc cctcttgat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
35 aggtctgaag aggagactac caaagcagtg tttacaaacc cagagtcacac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttgge tttcacaagc ctctacagg acctggtgta attggagtga 420
   aagggcagag acctggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggct ttggacatag agcaggtggg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaac aaagccllgt cacacagaaa tgagtctgt ctactggtg acttcatccc 600
40 tcaggctcca gctgagcaga gattttaatc agcttctta atgggtattg acaactgctca 660
   ggaagcagta caccctgtca gggacagcta ttgatcttt gtgttctgat tagattgaa 720
   aatagatcaa ctccattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaggg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgcattc acttctctct tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatggt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt 1020
   ggggataact ctggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct 1080
   tttaaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt 1140
   tattaatca tatcttttgt ttttccccct ccttctaat ccccaaagg acctatttga 1200
50 gctgttccc aattcatctg cttattttgg accatgaatc tgccagagtg atattttctg 1260
   ttatttctcc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggccctt 1320
   taaggtgaca tcaggatgct cttatgtcct tccagaataa gcatacactt cactcctctc 1380
   cctttcatct cctctgcat tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgagggtgct 1440
   ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattctgt agaagttggg tatacctatt 1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgctaag gtccccctcag agatgaggtt tgacttttag 1560
   gcccgatatg clcctccata gctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac 1620
   tctttatcct cagactgttt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal 1680
   cctaatacat cagtgtatca gtgcactcgg tggcaacagc tcagcccatt caaagagcaa 1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccc 1800
60 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac 1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatate tgtgcctttg cctgtccttt 1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag 1980
   gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggta ggagaggtt 2040
   ctgagaggag ccagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaactttt 2100

```

DE 198 18 620 A 1

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggaatg atttccctgc agaaggaagg2160
 aaagaatggtt ttcacccttg catccttctt gggagaagct accagcctgt tgcttcagtt2220
 tgagttgggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt ccctgtgttt2280
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60
 tagcaggctc cccaaacaaa gcacgaggca gttccatgag ggggatgcct atgtggtcaa 120
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtgagg aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaagggg gggcccagggt 300
 ccaggttctc cagggaaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
 ctgcgtgcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
 cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
 gtggcacgga tgcaaaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaaag tcacaataca 660
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtgtt aacttcgcgc cccgcctgtt 780
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccgagc 840
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttccg gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900
 agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
 cgagaacaag atcactgggt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020
 ggagactgtg ctccagtgat gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080
 ccttatccac gctggtctgg agccccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140
 cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacctt1200
 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
 caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccttgcccgc ctggaagcag1380
 gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gaggctcacg1440
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500
 ttcacaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560
 tcccggagtt gtgtattttt taaatgttca agggaactgt ttggaactt ctttccacca1620

65

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgttatgt gcacttaagc cytagctgct1680
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgctt ttctctttt tttgaagcag1740
 ttctctttat aaagtgttat tttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
 5 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttctctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60
 atttggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
 agcaacattg tcttattaaa gcatagttta tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
 tattacatac ttcattacta ggaagttctt tttaaaatga cacttaaac aatcactgaa300
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttattt tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360
 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
 taaaggctgt ttgcacctt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagt480
 gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcatgtttg tttgcttgtt540
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatggtttt600
 tgggttactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660
 ccatcctaata agggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
 50 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1932 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
aggcgggggct ctggcgagatt ctccctccac cttcccccac cttctctgct caaccgctgt 120
ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct ttccaggacc 180
caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctctt 240
ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
tatgccttct taggcttgac agccccacct gggttcaaagg aagcagaagt gcaagcaaa 540
cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660
agattagttg ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaat 720
ttatggtgat tatggtgagg agaatgggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaag ccacccgtga tacaccaatg attttacaaa 840
gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
cattaataaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagtgcctt cattaatttt 960
catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaataa gttcttgcag1020
gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccatct1080
ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc1140
tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga1200
ttcatcagtt ggacaagtgc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa1260
gttccctgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct1320
taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacaggttg1380
gcatcatttt cccaagattg gtttcccttg agtttttgc taaaacaaatc ttagtagttt1440
tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt1500
tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct1560
atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaataaaaa agggcaactt ttaaaatatt1620
aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttacal680
tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta1740
tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga1800
gatgcctttg ttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt1860
ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gacccccga gtagtgggccc cgcgcccggg1920
gatttttccg gg
1932

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

at.atatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggg 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtc cagctggcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatatgtt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaag 240
agggttatgc ttattgatga actcttgtag ttggtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tccaaatata tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgg aaatgcattt tatttaccce 420
aggagtatgt taaaaatgata gttataaatg ttggaagttt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacagtggtt ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag cgcacaaatg gtgttagctg ggcagaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctggggcg accctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtaa tttccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaatgt attttccagt tttatggaat tgggagctcg acaagtgaat ccaatttaat 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt ttggaattc tttcagattc 960
cagagatatt ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtggt 1260
tagtttgga aaaataagat ggttaaat ttttattt aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaatgtg gtttaacatc cttgtgtgtt gccaaagaaa 1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaa 1440
gttggtgacc caagcctatt gtaacaagt gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccctat ttatttccgt atattttagt 1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcattgtct ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgccct 1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacggg aactagaagg 1980
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctctctgat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgctgga ggagcaaatg accggtgggt 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcatgttgca agccttgctg atgataaaat 2220
ggtgaggttc tggagaattg atgaggatta tccagtgcac gttgcacctt tgagcaatgg 2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag 2340
tgtgtatttt tgggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtgcagctc 2400
aatccgaaga gtgatgcca cccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagtttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagttagtag ggactgacag 2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```


DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtatttctg aacatatcaa atataaatatt ttttaaatat2700
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat atitagaat aagctgctat atgttgaatg2760
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aatttttaat tctgggacac tgagttagat2880
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatacacc tgaggtcagc2940
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aaccctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000
 aaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccgggtcc gagggtcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60
 tctcgtctgc tccggttccct gggtcctctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
 gtctgttgtt ccagcgctc tgcaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgttaaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agagggaggg agagtcagag atggaggagg togagagaga480
 gggaacccga ggtaggggaa gcgga 505

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLRLRFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFERRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRRTPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGI RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:	
GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQCTIKE DQEPFFLSK NWP	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:	
LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:	
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 KKKPRFLVLL NSSLGPVGSC FKTKLKWLT D KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

55 RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 60 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:	
LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVLFFTV VTASLSVFPL60 PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR	15
	87
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:	
EANNYMSCQG GSRFHSEFSL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60 EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI	40
	95
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:	
(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:	
	65

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLI SMFESKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYSKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGGKTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSR WGMKKVILEM 60
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120
GTQHRELESQ LHVLSQKLQG SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:	
VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60	15
LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSEVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:	
(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:	
SCRPWVPKLO RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60	40
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL	97
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	
(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:	
	65

DE 198 18 620 A 1

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYMT WRMGPRFTML LAMWLVCSE PHPHATIRGS HGGRAKVPVHS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVTY LRLARPIEPP ARSD1NGAAV120
 RPEQRPAAARG SPREMIRDEG SSARSRMLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180
 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVRN ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEK GK FGMVLLKKT L QVEERYYPYV RLEAMYEVID QGPIIRRIEKI RQKGFVQKCK300
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRRAQVPP TRESRVKVL R KLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV A ARPMTTTFAP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLESE TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 10 FRDNRMDRRE HGRDNPVVP GPPKPAKEKP PPKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKNNADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKSKV ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720
 KEYGMTYND F MVLTVDVLR VKQYVEVPIT MKSVFDLIDT FQSRKIDMEN QKRGVFFEGG780
 15 KTP 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KVVGVVWF L RWERMENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRPSHRW SWPPPALSSL60
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIYF IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANFPWKRF SHILSHLKKT HPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDEHT SSPTSKKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTHN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFFHPK60
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:	
HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY	20
57	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	
(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:	
SAGIPKILAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM	45
57	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:	
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:	
VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLLNIFYT YL	52 15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:	
(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:	
TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:	
(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:	
LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR	38 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHG HK LNYLNLK LHF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAE LGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
QTCRHGDRGL WTWAAHFWRE LRS GTARKSI KSQNSVFVS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCP KLP MV ISPTNSRLGH LAFMCSTMM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGR TFRHTCRAK GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTS SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAUVVHN VNSNELLNMV120
WNSEIIQQOI WIPSVFIGER SSEYLRALEFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAHAHYH SRCVDPWLTQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVEFG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELEKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAEEALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPPEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQLHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNRQFF DERWSKHRV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNMVKYKK300
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTVPQR TPLSAAATH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSHPDQSM ELVHRQSKAV AVTSMSPFVG420

60

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGPITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSF480
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPALFAC VGGMGRDLW NLNNDTEVPI54C
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLSS SSIFF

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN

50

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

30

CTFNIESFIY LIVYRTFHNH THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

35

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

55

EESFVFLIES FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60
EKGITLS

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

60

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFELVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSPSYRL GPRSHRPGIQ TQRQSSIKVA VGSSNHCIFY RSLLKIIVYL LSITLKG 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTTPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKEHF LKIQDLLGTF60
DPRNTEPASY PKCF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAS RFPQPDITIGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMDPLTC190
 LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMNRLFV'GSI PKSKTKEQIL240
 EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSPSPYPP NL

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QOHLPOSLG FLNKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSIILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKKVVVS GGRPVGFAFG YCYLGAHSKC60
SGVWDSKPGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP R NTSLRECKKY YWRWKSARKTA MGRPRPGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGV160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFFPA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN ITPHKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRLGO
RSFSLSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPHLPVSCCT KSPSLSSFRY IVRQRRALR 60
RRAFEALSTL PASVKMLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLHTYP FPAAQSLLS HLEDTSSEGA EGHYAAEHSR120
LSAHCQPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:		
FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL	46	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:		
(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren		20
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:		
YLSLPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFCKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL	55	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:		
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren		45
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:		
RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREWFLLIP NSFPHNSVFL60	95	65
VSMKCLES HR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI		

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPVSF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIFLF FLSSRRKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKYRK QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDERGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPAV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPPDS WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR1120
INLGPVMLIS EGTISSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPDFGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVRL IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV RMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDQ QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLEKFGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPHLFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSLTSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLSSV FWIFMTWFI FFPDLGAPF YFSFIESIVA FLYFFYKTWA TDPGETKASE 60
EEKKVNITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
NHHYIIFLF FLSMVCWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLRTPY NLGFMQNLAD240
FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLEKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSPSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEFGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSGPFPSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQODTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFFE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCOMPLKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKTVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFEEY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RQVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVFRKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSITLMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHEHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCCH WSCRLEFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSTIEGEWN GVMYAKYATG ENTVEVDTKK 60
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAAKH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60
PFVKTLKRAK NLPTV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLNQNPLLR P

41

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPSIT PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIIRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFEGR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:	
GTLEFVVTVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TDPD	20
	44
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:	
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:	
NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGS HW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI60	45
SVHPWKRSVQ NAGS	74
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:	
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

10

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRGGLQ ARRSTLLKTC 60
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDFFEMDDA NMCIATAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCWNC YRYINGRNSS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

45

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPIMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		5
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:		10
GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V	41	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:		15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:		35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:		40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:		60
TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS	29	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:		65

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLICSSAID CPDVQREHT60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMHSAACA AVPLTALMER EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEV60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVGTP GCLHISQNY RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL

53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNQCSL DSQTNDFTV TPGID

35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLTKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGPGV AAKELSFSPR NGRGQLPRP PGSITLLFF SSPASRGAS 60
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRITL120
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLFPVW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSORS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	5
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:	
RNMSSFSRAP QQWATEFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60	
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120	20
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:	
(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:	
VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60	45
FLQPQGSMTN SACHKEGW	78
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:	
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSGFG RGFKGKYS GG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLDGRM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRS GHV KR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:	
NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEK CFKIQSIVFK 60	15
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLSKHLL SGA 103	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:	
(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:	
FIYKQSKVRD IFAVTIAILS LOSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIIKE60	40
LCFYQRLPS EFLHKLMPSL QL 82	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:	
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:	
	65

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVENFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSSANS SLKSVAE

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 55 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQVRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

55

HAEQHMSILM GKLRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60
SFLLRNPNP 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGylGL QKWGgNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHtSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQHSNQHNN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

SGVITAEMVW PAKSYLEFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

KFQCPLIVLS AHSIAHLETTY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKI 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTKF60
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGGSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWVQM RKLLIKGRM DQWVNRWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFECK LVLPLTVLGL CLCLQKWKW THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNED PKDKNQRMG SVTGLSSIL NPICYGLTK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:	
LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN	36
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:	
GFLIKYKLN LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60
PFPCYQLIW KLTIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLEN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		10
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:		
SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL	50	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:		
(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren		25
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		30
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		35
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:		40
VLSAHS LAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL	50	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:		
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		50
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		55
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		60
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
		65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPGSKHHTKS60
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGMLS HPFLPHSYSL TLMAKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:	
GVKAREYRED VETFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60	15
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVSGGPSQ YHWGSNKFL E PQSLGPSQL IADGVPFKLV120	
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:	20
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	25
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:	40
HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VIQLTSPKWN60	
CCLRILFLC 69	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:	45
(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	50
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	55
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	60
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTTKI QNNSIITRL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRV GLAVSLTPPP 60
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPCGGRS120
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YELFVAATQQ ILLGRASAF180
 LKRVDGDP LV VAPAFFAVAG HLHQAVLPG VRVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
 QALHARHPHD VDVVVTAEGD DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA ITHSGCGST AVPREKLQNP360
 SQRAQNLPE LERSSKTFGK QRNPSRKGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVQAGLD PVLGPSSAV PSLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCLACLPLCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASEL POLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

(A) LÄNGE: 472 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMAPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
 SLRAVAPGLV RYRHHRLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
 TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
 KALPTPQAQQ LQDVLWMPQ GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
 PQQQRLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
 KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDDEE420
 ENGQGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSF FGGEVFQNHF 60
 EPGVYVCAKC GYELEFSSRSK YAHSSPWPAP TETIHADSV KRPENRSEA LKVSCGKCGN120
 GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRTD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
 QSGSCSDQGQ GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGEKKVR120
 V 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKI H 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

60

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCEQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAALFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:	5
FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MLLIGIWIN 60 FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:	10
(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	15
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	20
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:	30
DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60 GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:	35
(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	40
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	50
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:	55
GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCLEASE NLTLSPSVN 60 GHRCAVQGE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:	60
(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	65
(D) TOPOLOGIE: linear	

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60	
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LRLTPILKN RHEKVQENCI DIVGRIADRG AEYVSAREWM120	5
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180	
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240	
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFGCED SLNHLNLNVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300	
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360	
IRLMNLGL	368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLVYIMFN ICQSILOVCS 60	35
FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120	
I	121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LPPIYILLEY 60	
YYKYNIQPKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEEFGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFGR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSREGSHCG IPPEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVIL WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGE GNF NWRVFVPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWONDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLEL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60
NGAEANISKR NPNFFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:	
FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSGKELFEQMC60	15
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:	20
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	25
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:	
TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:	45
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	50
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:	65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLWSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLFNLECYV LLEPAICMYR INNFYSGQV ILRQSQWIOK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGE LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWICWT KNYKQVSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFETV 60
TLWRLEDLVV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDEFDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKCYWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQOD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60
SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:	10
KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFFQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60 QVRNTIKTTL KGKNF	75
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:	15
(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:	35
NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVEF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60 MVIRATYVNA CL	72
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:	40
(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:	60
THNTSTITAY RKLOSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFLHSL60 YFRLKIDSFL VLTLTLEGT VPGKRSRFTV PNH	93
	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQKQV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRRPSAQS APLCCGNSWG SGCWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAAALG AVACAMALLT 60
QOTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARAKLNLSP HGTFLGFVKL 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRLPLRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSGR LCQGYSPFW EGPPVPCSLR TSLLRLCSSV CWVSRAMAQA120
TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180
AGRVVRVAVV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRR SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAEIALAL CPTTLAPYYL 60
RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EELAVKVVE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPOASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60
PATPDSGTLE RLPQLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWIGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQPPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VMSIQLRLF FKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 15 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRN LGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFLLPG GVRVGGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DDTTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEGDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQEEMGCQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEGGQES FFELPSEL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVESV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNEL VTACMQPLSV120
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEATYSEV KLRCLGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSNNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQEN RQWSGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHVPPLCKP240
NPCVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNSIKC REGFLLQGHG ITCNPDETW TQTSACEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTS PPICRAVCRF360
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLECEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCB RKRRRTGF 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60
RVLOVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQQKQVQP QLQQAEPQK120
QVQPVQVQQA HSQGPRQVQL QQEAEPKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

GRAGRRTMF SQQQQQQLQQ QQQQLQQLQQ QQLQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG YGMASPLAA PSLTPPLAT PNLQQFFPQA TRQSLGPPP VGVPMPNPSQF180
NLSGRNPQKQ ARTSSSTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAPRMD TPEDQDLPPC240
PEDIAEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GQLQVKAQPQ AG 292

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCKSKALCR MEPLRREAEI VPWRFRSGCC 60
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCC CCSCCWL120
NMVARLPARP QRSSRPHGWA GPAAPTRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAE PRQFEPELG 60
 LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRDLCPHAE S2LAFRDQVI IGLNPLPDVQ120
 VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
 ARARAGAQT S CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLAEES GWRGPHGQV LGLLWRPRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60
 IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
 LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
 STVLFCF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASELI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKENFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCCLCP 60
LPQPSHPHSL RKVTPQHSL CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPHTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIIQOVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRDPDIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
MLEKESCLQQ IKIQQLEEV L SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LOGLEKTLRD120
SEEMQARATT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAGED EISENLVNIQ180
KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

10

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

30

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

65

DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDKTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFL LIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTASTSRTPF GPVARSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

(A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPA TMSYTGFEVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSEDL YRSGYDYSEL180
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWADARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
QCMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAALLTGS I RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGSPVPWDR120
RCRCHACGTG RGRHRIGFHR PFPSQQAARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180
RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQRLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFIQ180
ELLAQLQGLH RQPLRLQSPS SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVGFSS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMTK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFOK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYLI180
WHGCKAQAHK KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDEFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDL S DVL SVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGGW FLEIFSEFAVL 60
EHS LHR TLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEK CWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGGSGRVH KLCGCKIPRG AAED EQAGRE VKTSRILKHA IVGFVPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPEL120
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLEFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAF120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISEFAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKQCL RFMLAALLAL60
 LPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLLOVEL WNMDKYTMIR KLEGHHHDVV 60
 ACDSPDGLAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120
 HDGLHVASLA DDKMVFWRV DEDYPVQVAP LSNGLCCAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
 PRQVPSLQHL CRMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
 LENEGKTENK GKTGDSEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLP SLTFLLLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SELGLKPFLH FHC RVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127,
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen-tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

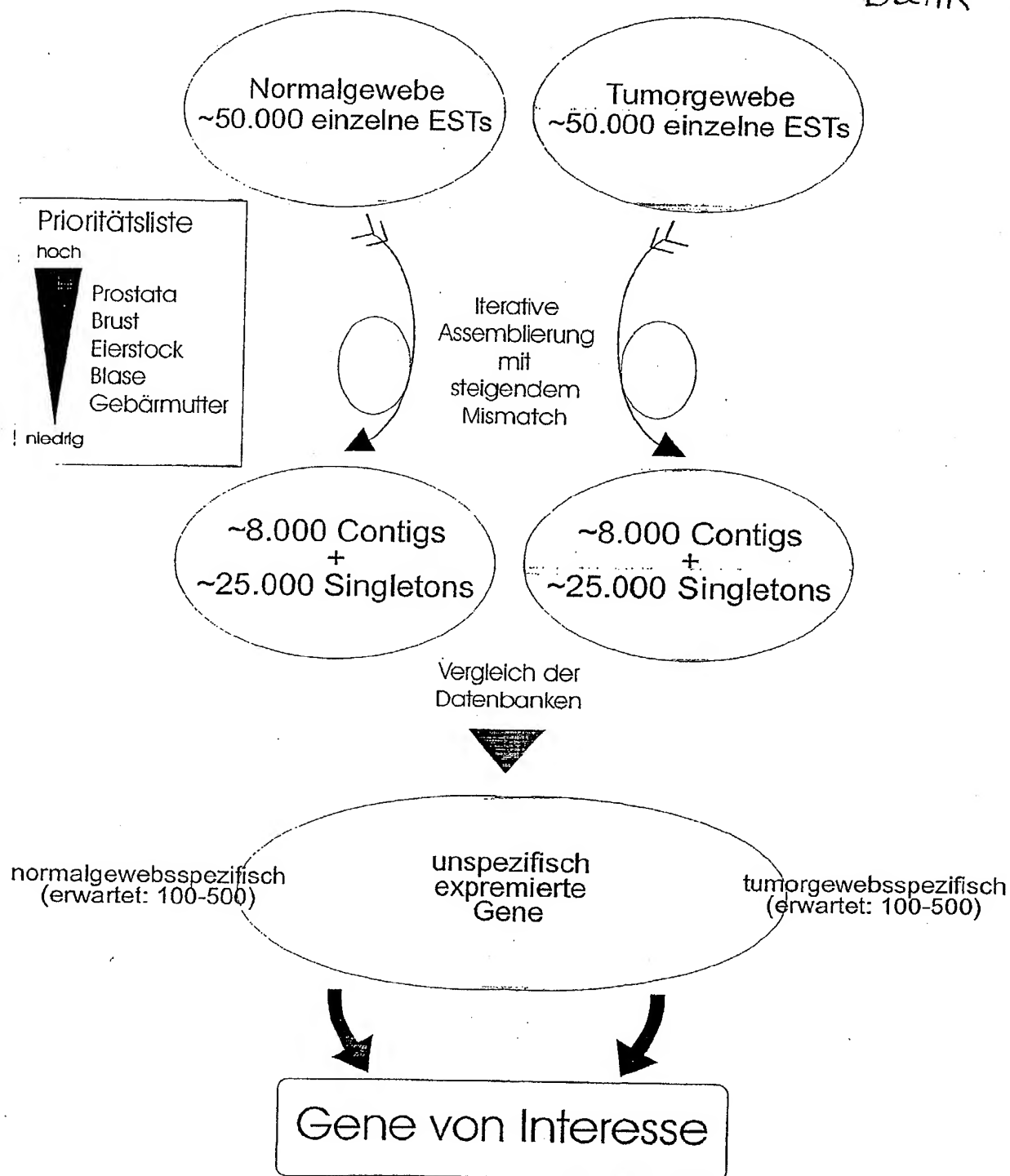


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

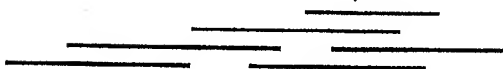
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



Contigs



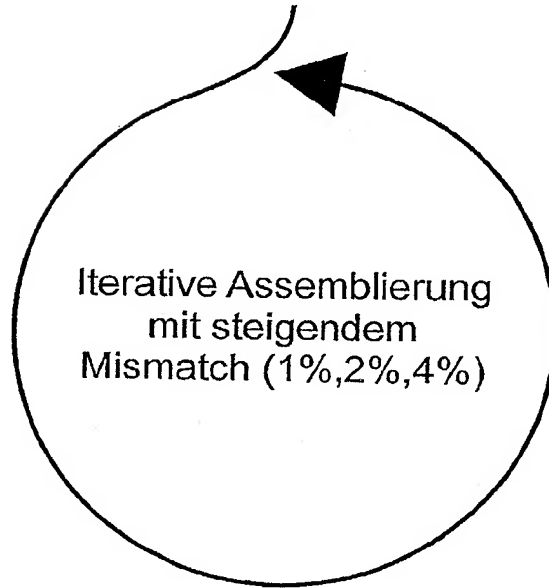
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

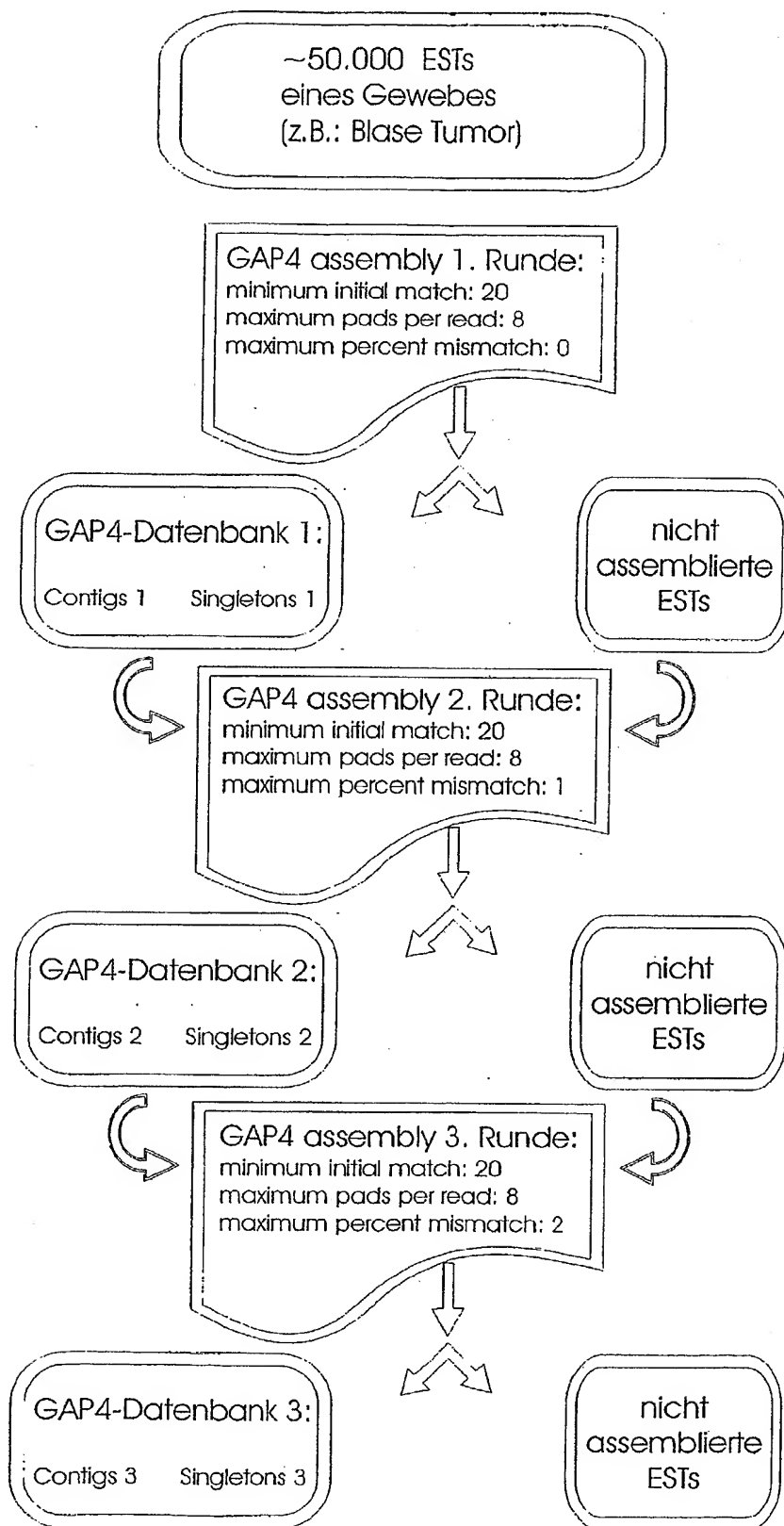


Fig. 2b1

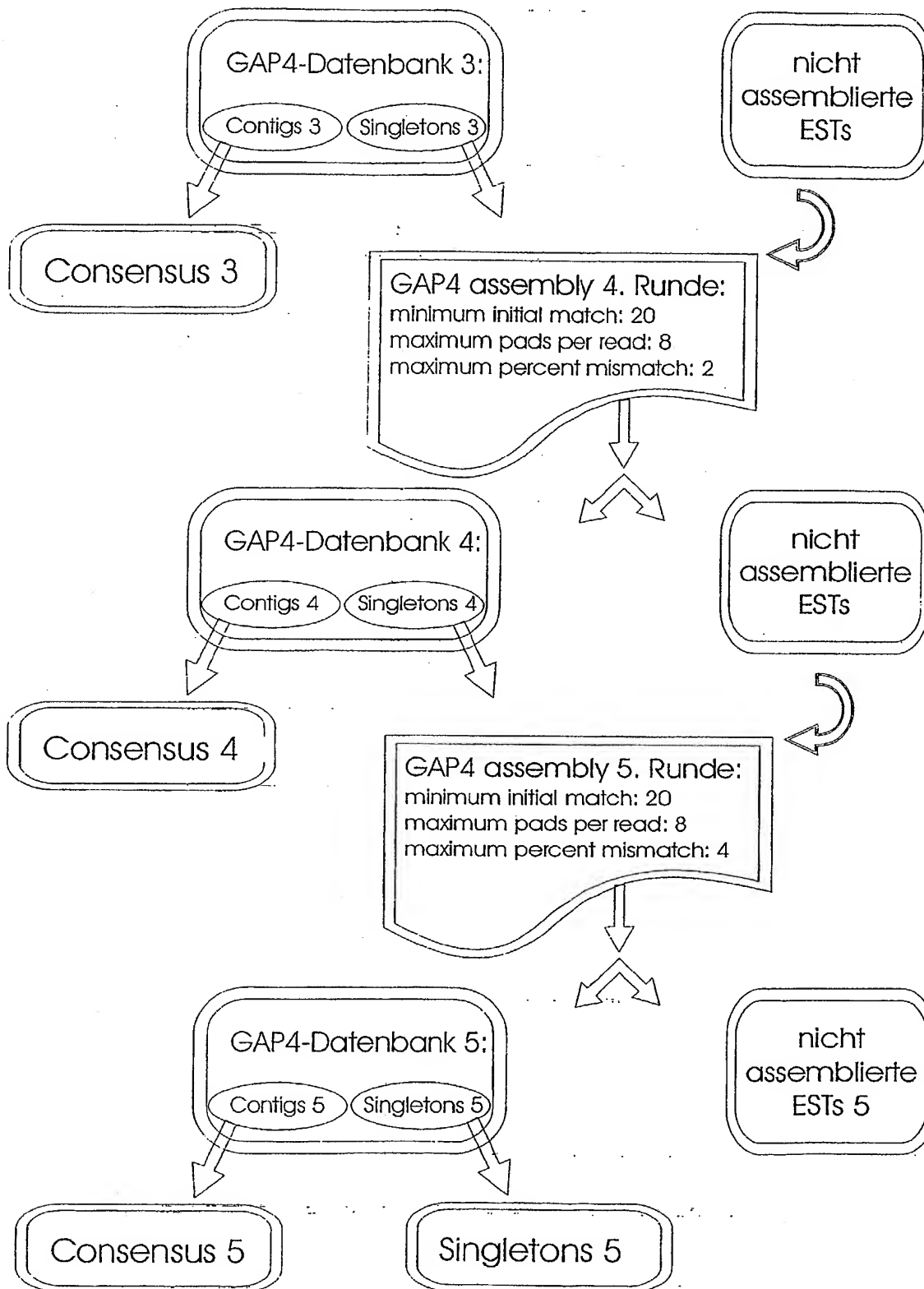


Fig. 2b2

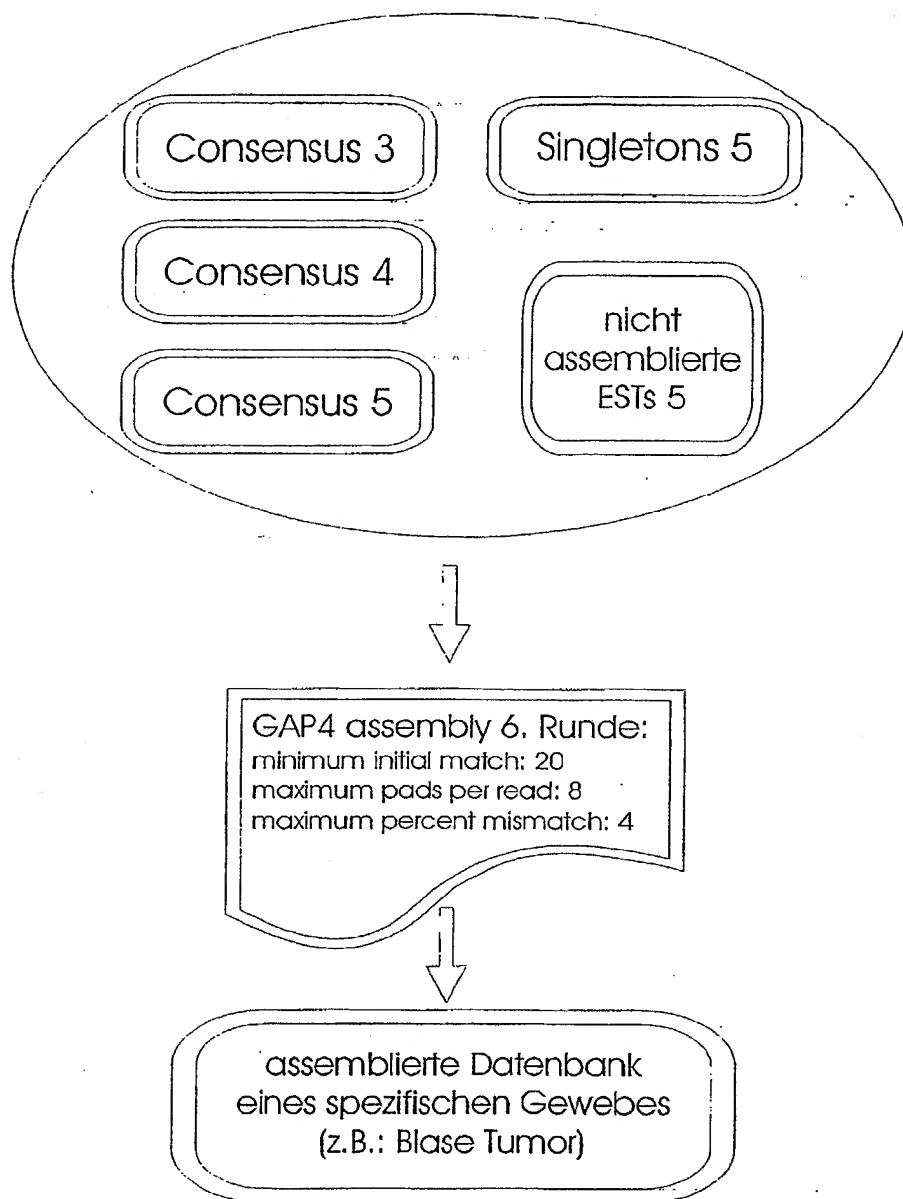


Fig. 2b3

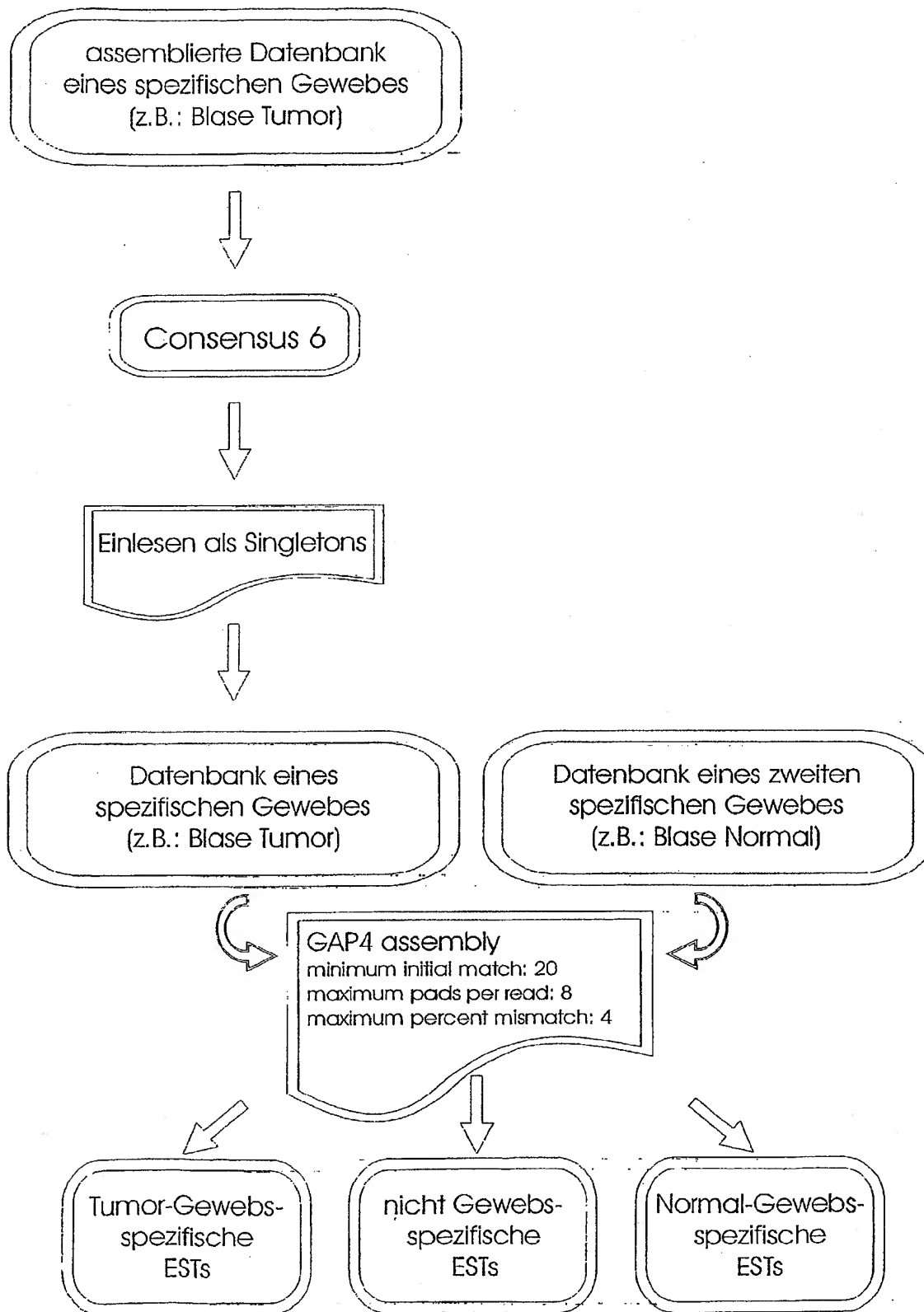


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

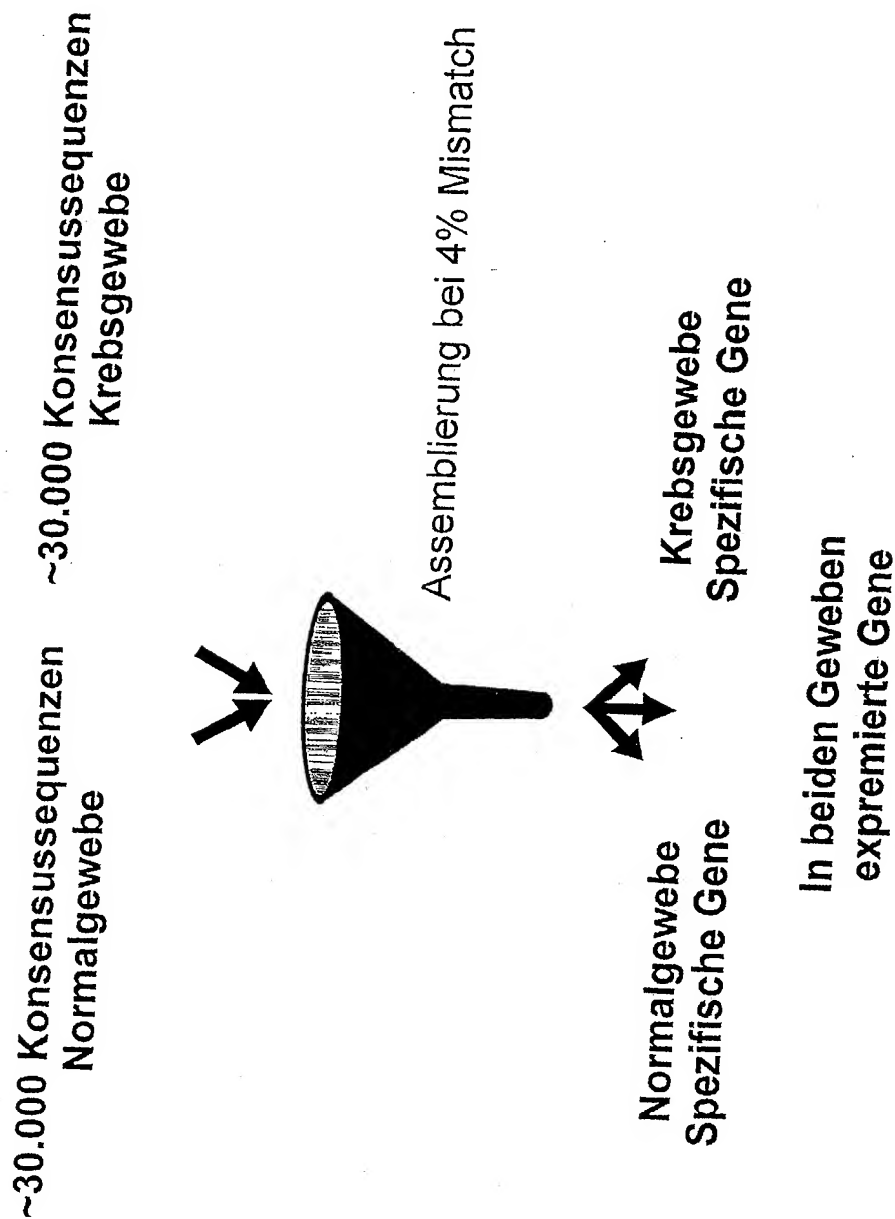
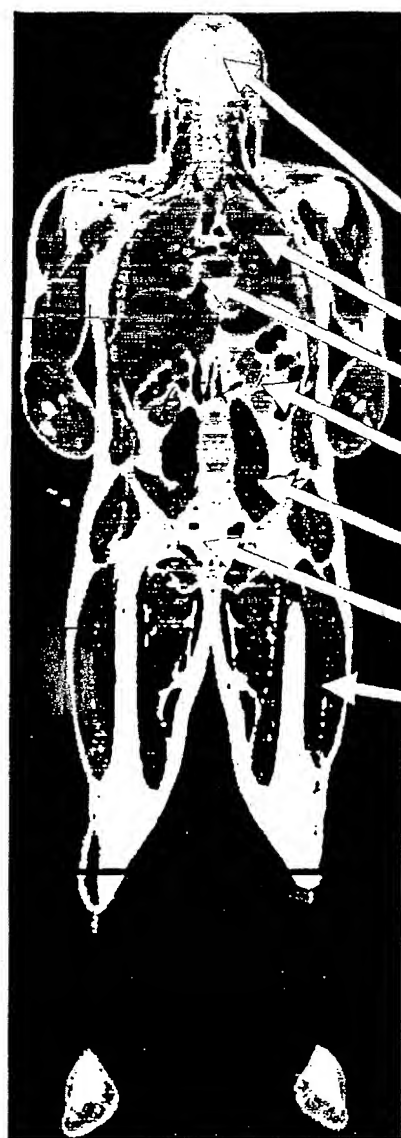


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

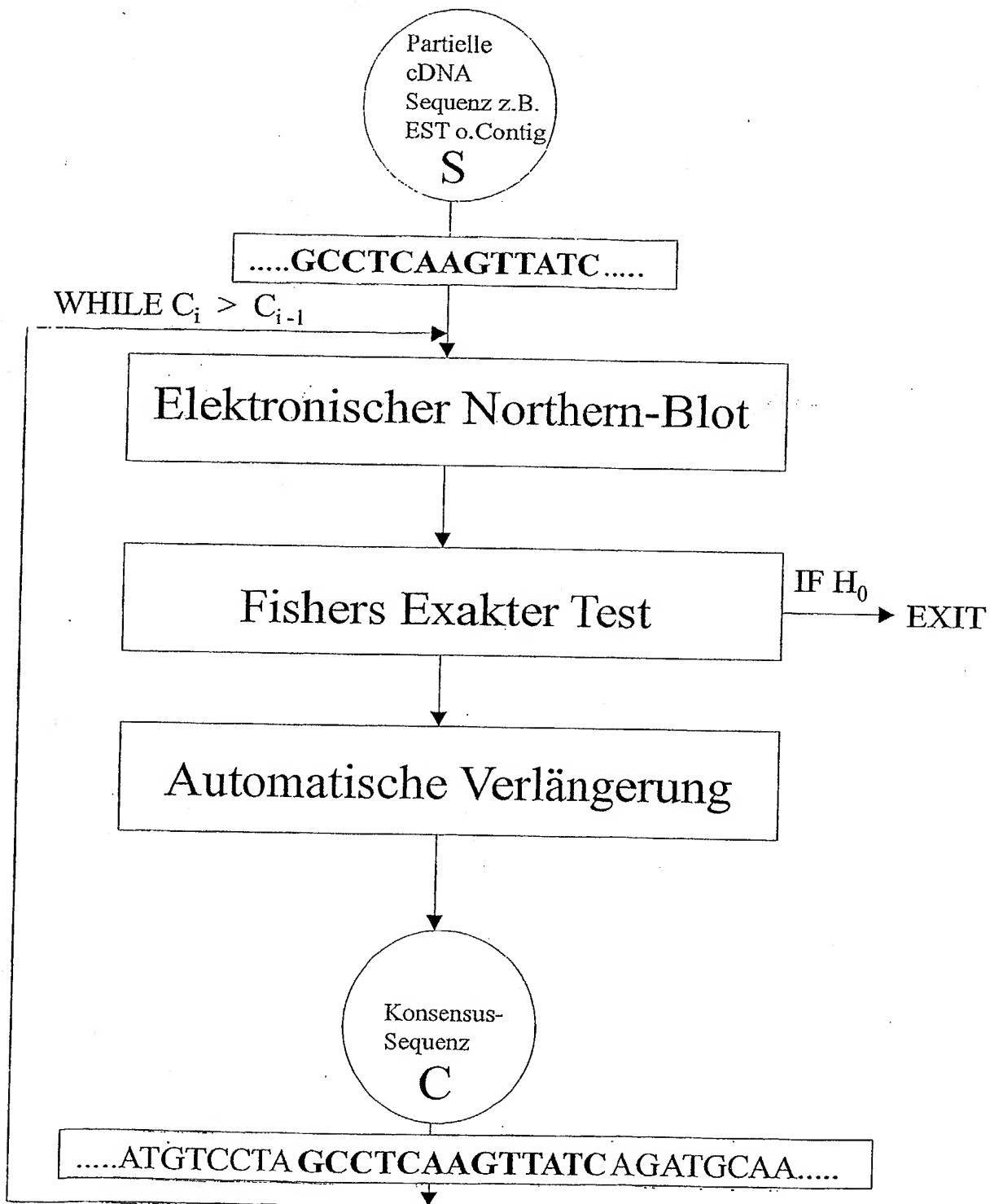


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5